

Document made available under the Patent Cooperation Treaty (PCT)

International application number: PCT/JP05/003652

International filing date: 03 March 2005 (03.03.2005)

Document type: Certified copy of priority document

Document details: Country/Office: JP
Number: 2004-063277
Filing date: 05 March 2004 (05.03.2004)

Date of receipt at the International Bureau: 12 May 2005 (12.05.2005)

Remark: Priority document submitted or transmitted to the International Bureau in compliance with Rule 17.1(a) or (b)



World Intellectual Property Organization (WIPO) - Geneva, Switzerland
Organisation Mondiale de la Propriété Intellectuelle (OMPI) - Genève, Suisse

日本国特許庁
JAPAN PATENT OFFICE

09.3.2005

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日
Date of Application: 2004年 3月 5日

出願番号
Application Number: 特願2004-063277

パリ条約による外国への出願
に用いる優先権の主張の基礎
となる出願の国コードと出願
番号

The country code and number
of your priority application,
to be used for filing abroad
under the Paris Convention, is

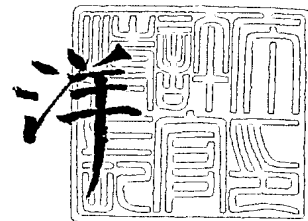
JP2004-063277

出願人
Applicant(s): 財団法人阪大微生物病研究会

2005年 4月19日

特許庁長官
Commissioner,
Japan Patent Office

小川



【書類名】 特許願
【整理番号】 J103392485
【提出日】 平成16年 3月 5日
【あて先】 特許庁長官 殿
【国際特許分類】 C12N 15/38
C12Q 1/68
C12Q 1/70
C07K 14/04

【発明者】
【住所又は居所】 香川県三豊郡山本町大字辻 1 0 1 3 - 3
【氏名】 長池 和広

【発明者】
【住所又は居所】 大阪府茨木市南春日丘 7 - 1 0 - 3 - 3 0 3
【氏名】 森 康子

【発明者】
【住所又は居所】 香川県観音寺市室本町 1 1 4 5 - 2 1 7 サンハイツ ししぼり
D 1 0 1
【氏名】 五味 康行

【発明者】
【住所又は居所】 大阪府吹田市青山台 3 丁目 1 8 番 5 号
【氏名】 高橋 理明

【発明者】
【住所又は居所】 大阪府豊能郡豊能町光風台 2 - 1 - 2 1
【氏名】 山西 弘一

【特許出願人】
【識別番号】 000173692
【氏名又は名称】 財団法人阪大微生物病研究会

【代理人】
【識別番号】 100078282
【弁理士】
【氏名又は名称】 山本 秀策

【選任した代理人】
【識別番号】 100062409
【弁理士】
【氏名又は名称】 安村 高明

【選任した代理人】
【識別番号】 100113413
【弁理士】
【氏名又は名称】 森下 夏樹

【手数料の表示】
【予納台帳番号】 001878
【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】
【物件名】 特許請求の範囲 1
【物件名】 明細書 1
【物件名】 図面 1
【物件名】 要約書 1

【書類名】 特許請求の範囲**【請求項 1】**

組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 2】

BACベクター配列を含む、請求項 1 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 3】

水痘带状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内に前記 BACベクター配列の少なくとも一部が挿入されている、請求項 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 4】

前記非必須領域が、以下の領域からなる群から選択される、請求項 3 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス：

遺伝子 7 の ORF 内の領域、遺伝子 8 の ORF 内の領域、遺伝子 9 の ORF 内の領域、遺伝子 10 の ORF 内の領域、遺伝子 11 の ORF 内の領域、遺伝子 12 の ORF 内の領域、遺伝子 13 の ORF 内の領域、遺伝子 14 の ORF 内の領域、遺伝子 15 の ORF 内の領域、遺伝子 17 の ORF 内の領域、遺伝子 18 の ORF 内の領域、遺伝子 19 の ORF 内の領域、遺伝子 38 の ORF 内の領域、遺伝子 39 の ORF 内の領域、遺伝子 46 の ORF 内の領域、遺伝子 47 の ORF 内の領域、遺伝子 48 の ORF 内の領域、遺伝子 49 の ORF 内の領域、遺伝子 50 の ORF 内の領域、遺伝子 56 の ORF 内の領域、遺伝子 57 の ORF 内の領域、遺伝子 58 の ORF 内の領域、遺伝子 59 の ORF 内の領域、遺伝子 61 の ORF 内の領域、遺伝子 63 の ORF 内の領域、遺伝子 64 の ORF 内の領域、遺伝子 65 の ORF 内の領域、遺伝子 66 の ORF 内の領域、遺伝子 67 の ORF 内の領域、遺伝子 68 の ORF 内の領域、遺伝子 69 の ORF 内の領域、遺伝子 70 の ORF 内の領域、遺伝子 7 の ORF に隣接する領域、遺伝子 8 の ORF に隣接する領域、遺伝子 9 の ORF に隣接する領域、遺伝子 10 の ORF に隣接する領域、遺伝子 11 の ORF に隣接する領域、遺伝子 12 の ORF に隣接する領域、遺伝子 13 の ORF に隣接する領域、遺伝子 14 の ORF に隣接する領域、遺伝子 15 の ORF に隣接する領域、遺伝子 17 の ORF に隣接する領域、遺伝子 18 の ORF に隣接する領域、遺伝子 19 の ORF に隣接する領域、遺伝子 38 の ORF に隣接する領域、遺伝子 39 の ORF に隣接する領域、遺伝子 46 の ORF に隣接する領域、遺伝子 47 の ORF に隣接する領域、遺伝子 48 の ORF に隣接する領域、遺伝子 49 の ORF に隣接する領域、遺伝子 50 の ORF に隣接する領域、遺伝子 56 の ORF に隣接する領域、遺伝子 57 の ORF に隣接する領域、遺伝子 58 の ORF に隣接する領域、遺伝子 59 の ORF に隣接する領域、遺伝子 61 の ORF に隣接する領域、遺伝子 63 の ORF に隣接する領域、遺伝子 64 の ORF に隣接する領域、遺伝子 65 の ORF に隣接する領域、遺伝子 66 の ORF に隣接する領域、遺伝子 67 の ORF に隣接する領域、遺伝子 68 の ORF に隣接する領域、遺伝子 69 の ORF に隣接する領域、および遺伝子 70 の ORF に隣接する領域。

【請求項 5】

前記非必須領域が、遺伝子 11 の ORF に隣接する領域または遺伝子 12 の ORF に隣接する領域である、請求項 4 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 6】

水痘带状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子 62 の ORF 内の領域に前記 BACベクター配列の少なくとも一部が挿入されている、請求項 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 7】

前記 BACベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、請求項 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 8】

前記 BACベクター配列が選択マーカを含む、請求項 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 9】

前記選択マーカが薬剤選択マーカである、請求項 8 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイ

ルス。

【請求項 10】

前記選択マーカーがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、請求項 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 11】

前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、請求項 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 12】

前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、請求項 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 13】

前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが Ok a ワクチン株由来である、請求項 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 14】

前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが遺伝子 62 および遺伝子 6 に変異を有する、請求項 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 15】

前記遺伝子 62 が、配列番号 5 の塩基配列において、少なくとも以下 (a) ~ (d) の塩基置換:

- (a) 2110 番塩基が G ;
- (b) 3100 番塩基が G ;
- (c) 3818 番塩基が C ; および
- (d) 4006 番塩基が G、

ならびに前記遺伝子 6 が、配列番号 8 の塩基配列において、少なくとも 5745 番塩基が G である塩基置換、

を有する、請求項 14 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 16】

前記 BAC ベクター配列が配列番号 7 に記載の配列を有するベクターである、請求項 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 17】

請求項 1 に記載のウイルスを含有する薬学的組成物。

【請求項 18】

ワクチンの形態である、請求項 17 に記載の薬学的組成物。

【請求項 19】

遺伝子 62 以外の水痘带状疱疹ウイルスゲノム必須遺伝子と BAC ベクター配列とを含む、ベクター。

【請求項 20】

さらに遺伝子 62 を含む、請求項 19 に記載のベクター。

【請求項 21】

哺乳動物細胞に導入された場合、該哺乳動物細胞が水痘带状疱疹ウイルスを産生する、請求項 19 に記載のベクター。

【請求項 22】

前記水痘带状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記 BAC ベクター配列と連結する部位が、該水痘带状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内である、請求項 19 に記載のベクター。

【請求項 23】

前記非必須領域が、以下の領域からなる群から選択される、請求項 22 に記載のベクター:

遺伝子 7 の ORF 内の領域、遺伝子 8 の ORF 内の領域、遺伝子 9 の ORF 内の領域、遺伝子 10 の ORF 内の領域、遺伝子 11 の ORF 内の領域、遺伝子 12 の ORF 内の領域、遺伝子 13 の ORF 内の領域、遺伝子 14 の ORF 内の領域、遺伝子 15 の ORF 内

の領域、遺伝子 1 7 の O R F 内の領域、遺伝子 1 8 の O R F 内の領域、遺伝子 1 9 の O R F 内の領域、遺伝子 3 8 の O R F 内の領域、遺伝子 3 9 の O R F 内の領域、遺伝子 4 6 の O R F 内の領域、遺伝子 4 7 の O R F 内の領域、遺伝子 4 8 の O R F 内の領域、遺伝子 4 9 の O R F 内の領域、遺伝子 5 0 の O R F 内の領域、遺伝子 5 6 の O R F 内の領域、遺伝子 5 7 の O R F 内の領域、遺伝子 5 8 の O R F 内の領域、遺伝子 5 9 の O R F 内の領域、遺伝子 6 1 の O R F 内の領域、遺伝子 6 3 の O R F 内の領域、遺伝子 6 4 の O R F 内の領域、遺伝子 6 5 の O R F 内の領域、遺伝子 6 6 の O R F 内の領域、遺伝子 6 7 の O R F 内の領域、遺伝子 6 8 の O R F 内の領域、遺伝子 6 9 の O R F 内の領域、遺伝子 7 0 の O R F 内の領域、遺伝子 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 0 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 1 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 2 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 3 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 4 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 5 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 3 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 3 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 0 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 1 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 3 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 4 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 5 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 9 の O R F に隣接する領域、および遺伝子 7 0 の O R F に隣接する領域。

【請求項 2 4】

前記連結する部位が、遺伝子 1 1 の O R F に隣接する領域または遺伝子 1 2 の O R F に隣接する領域である、請求項 2 3 に記載のベクター。

【請求項 2 5】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記 B A C ベクター配列と連結する部位が、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子 6 2 の O R F 内の領域内である、請求項 1 9 に記載のベクター。

【請求項 2 6】

前記 B A C ベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、請求項 1 9 に記載のベクター。

【請求項 2 7】

前記 B A C ベクター配列が選択マーカを含む、請求項 1 9 に記載のベクター。

【請求項 2 8】

前記選択マーカが薬剤選択マーカである、請求項 2 7 に記載のベクター。

【請求項 2 9】

前記選択マーカがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、請求項 2 7 に記載のベクター。

【請求項 3 0】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、請求項 1 9 に記載のベクター。

【請求項 3 1】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、請求項 1 9 に記載のベクター。

【請求項 3 2】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが O k a ワクチン株由来である、請求項 1 9 に記載のベクター。

【請求項 3 3】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが遺伝子 6 2 および遺伝子 6 に変異を有する、請求項 1 9 に記載のベクター。

【請求項 3 4】

前記遺伝子 62 が、配列番号 5 の塩基配列において、少なくとも以下 (a) ~ (d) の塩基置換:

- (a) 2110 番塩基が G;
- (b) 3100 番塩基が G;
- (c) 3818 番塩基が C; および
- (d) 4006 番塩基が G、

ならびに前記遺伝子 6 が、配列番号 8 の塩基配列において、少なくとも 5745 番塩基が G である塩基置換、

を有する、請求項 33 に記載のベクター。

【請求項 35】

前記 BAC ベクター配列が配列番号 7 に記載の配列を有するベクターである、請求項 19 に記載のベクター。

【請求項 36】

請求項 19 に記載のベクターを含む、細胞。

【請求項 37】

細菌である、請求項 36 に記載の細胞。

【請求項 38】

E. coli である、請求項 37 に記載の細菌。

【請求項 39】

哺乳動物細胞である、請求項 36 に記載の細胞。

【請求項 40】

ヒト由来の細胞である、請求項 39 に記載の哺乳動物細胞。

【請求項 41】

請求項 39 に記載の哺乳動物細胞によって産生された、ウイルス。

【請求項 42】

請求項 41 に記載のウイルスを含有する薬学的組成物。

【請求項 43】

ワクチンの形態である、請求項 42 に記載の薬学的組成物。

【請求項 44】

組換え水痘带状疱疹ウイルスの製造方法であって、以下の工程:

遺伝子 62 以外の水痘带状疱疹ウイルスゲノム必須遺伝子と BAC ベクター配列とを含むベクターを、哺乳動物宿主細胞に導入する工程; および

該哺乳動物宿主細胞を培養して、組換え水痘带状疱疹ウイルスを産生させる工程、を包含する、方法。

【請求項 45】

前記ベクターがさらに遺伝子 62 を含む、請求項 44 に記載の方法。

【請求項 46】

前記哺乳動物宿主細胞がヒト由来の細胞である、請求項 44 に記載の方法。

【請求項 47】

前記 BAC ベクター配列が少なくとも 2 つの組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、請求項 44 に記載の方法。

【請求項 48】

請求項 47 に記載の方法であって、前記 2 つの組換えタンパク質依存性組換え配列間での組換えを起こす工程をさらに包含する、方法。

【請求項 49】

前記水痘带状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記 BAC ベクター配列と連結する部位が、該水痘带状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内である、請求項 44 に記載の方法。

【請求項 50】

前記非必須領域が、以下の領域からなる群から選択される、請求項 49 に記載の方法:

遺伝子 7 の ORF 内の領域、遺伝子 8 の ORF 内の領域、遺伝子 9 の ORF 内の領域、

遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

【請求項51】

前記非必須領域が、遺伝子11のORFに隣接する領域または遺伝子12のORFに隣接する領域である、請求項50に記載の方法。

【請求項52】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記BACベクター配列と連結する部位が、該水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子62のORF内の領域である、請求項44に記載の方法。

【請求項53】

前記BACベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、請求項44に記載の方法。

【請求項54】

前記BACベクター配列が選択マーカを含む、請求項44に記載の方法。

【請求項55】

前記選択マーカが薬剤選択マーカである、請求項54に記載の方法。

【請求項56】

前記選択マーカがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、請求項54に記載の方法。

【請求項57】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、請求項44に記載の方法。

【請求項58】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、請求項44に記載の方法。

【請求項59】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムがOkavakチン株由来である、請求項44に記載の方法。

【請求項60】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが遺伝子62および遺伝子6に変異を有する、請求項4

4 に記載の方法。

【請求項 6 1】

前記遺伝子 6 2 が、配列番号 5 の塩基配列において、少なくとも以下 (a) ~ (d) の塩基置換：

- (a) 2 1 1 0 番塩基が G ；
- (b) 3 1 0 0 番塩基が G ；
- (c) 3 8 1 8 番塩基が C ；および
- (d) 4 0 0 6 番塩基が G、

ならびに前記遺伝子 6 が、配列番号 8 の塩基配列において、少なくとも 5 7 4 5 番塩基が G である塩基置換、

を有する、請求項 6 0 に記載の方法。

【請求項 6 2】

前記 B A C ベクター配列が配列番号 7 に記載の配列を有するベクターである、請求項 4 4 に記載の方法。

【請求項 6 3】

請求項 4 4 に記載の方法によって製造されたウイルス。

【請求項 6 4】

請求項 6 3 に記載のウイルスを含有する薬学的組成物。

【請求項 6 5】

ワクチンの形態である、請求項 6 4 に記載の薬学的組成物。

【請求項 6 6】

請求項 1 9 に記載のベクターに変異を導入する方法であって、以下の工程：

該ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程；

水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメントを含むプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該フラグメントは少なくとも 1 つの変異を有する、工程；

該細菌宿主細胞を培養する工程；

該培養した細菌宿主細胞から、B A C ベクター配列を有するベクターを単離する工程、を包含する、方法。

【請求項 6 7】

請求項 1 9 に記載のベクターに変異を導入する方法であって、以下の工程：

該ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程；

水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなる第 1 のフラグメントを含む第 1 のプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該第 1 のフラグメントは少なくとも 1 つの変異を有する、工程；

水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなる第 2 のフラグメントを含む第 2 のプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該第 2 のフラグメントは少なくとも 1 つの変異を有し、そして該第 2 のフラグメントは該第 1 のフラグメントとは異なる、工程；

該細菌宿主細胞を培養する工程；

該培養した細菌宿主細胞から、B A C ベクター配列を有するベクターを単離する工程、を包含する、方法。

【請求項 6 8】

細菌細胞内において水痘带状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得る第 1 のフラグメント、B A C ベクター配列、および細菌細胞内において水痘带状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得る第 2 のフラグメントを含む核酸カセットであって、ここで、該 B A C 配列の両端の各々がそれぞれ第 1 のフラグメントおよび第 2 のフラグメントと連結する、核酸カセット。

【請求項 6 9】

前記第 1 のフラグメントおよび第 2 のフラグメントが少なくとも 1 k b である、請求項 6

8 に記載の核酸カセット。

【請求項 70】

前記第 1 のフラグメントおよび第 2 のフラグメントが少なくとも 1.5 kb である、請求項 68 に記載の核酸カセット。

【請求項 71】

前記第 1 のフラグメントおよび第 2 のフラグメントが少なくとも 2 kb である、請求項 68 に記載の核酸カセット。

【請求項 72】

前記第 1 のフラグメントおよび第 2 のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも 80% 同一である、請求項 68 に記載の核酸カセット。

【請求項 73】

前記第 1 のフラグメントおよび第 2 のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも 85% 同一である、請求項 68 に記載の核酸カセット。

【請求項 74】

前記第 1 のフラグメントおよび第 2 のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも 90% 同一である、請求項 68 に記載の核酸カセット。

【請求項 75】

前記第 1 のフラグメントおよび第 2 のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも 95% 同一である、請求項 68 に記載の核酸カセット。

【請求項 76】

請求項 68 に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第 1 および第 2 のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域由来である、核酸カセット：

遺伝子 7 の ORF 内の領域、遺伝子 8 の ORF 内の領域、遺伝子 9 の ORF 内の領域、遺伝子 10 の ORF 内の領域、遺伝子 11 の ORF 内の領域、遺伝子 12 の ORF 内の領域、遺伝子 13 の ORF 内の領域、遺伝子 14 の ORF 内の領域、遺伝子 15 の ORF 内の領域、遺伝子 17 の ORF 内の領域、遺伝子 18 の ORF 内の領域、遺伝子 19 の ORF 内の領域、遺伝子 38 の ORF 内の領域、遺伝子 39 の ORF 内の領域、遺伝子 46 の ORF 内の領域、遺伝子 47 の ORF 内の領域、遺伝子 48 の ORF 内の領域、遺伝子 49 の ORF 内の領域、遺伝子 50 の ORF 内の領域、遺伝子 56 の ORF 内の領域、遺伝子 57 の ORF 内の領域、遺伝子 58 の ORF 内の領域、遺伝子 59 の ORF 内の領域、遺伝子 61 の ORF 内の領域、遺伝子 62 の ORF 内の領域、遺伝子 63 の ORF 内の領域、遺伝子 64 の ORF 内の領域、遺伝子 65 の ORF 内の領域、遺伝子 66 の ORF 内の領域、遺伝子 67 の ORF 内の領域、遺伝子 68 の ORF 内の領域、遺伝子 69 の ORF 内の領域、遺伝子 70 の ORF 内の領域、遺伝子 7 の ORF に隣接する領域、遺伝子 8 の ORF に隣接する領域、遺伝子 9 の ORF に隣接する領域、遺伝子 10 の ORF に隣接する領域、遺伝子 11 の ORF に隣接する領域、遺伝子 12 の ORF に隣接する領域、遺伝子 13 の ORF に隣接する領域、遺伝子 14 の ORF に隣接する領域、遺伝子 15 の ORF に隣接する領域、遺伝子 17 の ORF に隣接する領域、遺伝子 18 の ORF に隣接する領域、遺伝子 19 の ORF に隣接する領域、遺伝子 38 の ORF に隣接する領域、遺伝子 39 の ORF に隣接する領域、遺伝子 46 の ORF に隣接する領域、遺伝子 47 の ORF に隣接する領域、遺伝子 48 の ORF に隣接する領域、遺伝子 49 の ORF に隣接する領域、遺伝子 50 の ORF に隣接する領域、遺伝子 56 の ORF に隣接する領域、遺伝子 57 の ORF に隣接する領域、遺伝子 58 の ORF に隣接する領域、遺伝子 59 の ORF に隣接する領域、遺伝子 61 の ORF に隣接する領域、遺伝子 62 の ORF に隣接する領域、遺伝子 63 の ORF に隣接する領域、遺伝子 64 の ORF に隣接する領域、遺伝子 65 の ORF に隣接する領域、遺伝子 66 の ORF に隣接する領域、遺伝子 67 の ORF に隣接する領域、遺伝子 68 の ORF に隣接する領域、遺伝子 69 の ORF に隣接する領域、および遺伝子 70 の ORF に隣接する領域。

【請求項 77】

請求項 68 に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第 1 および第 2 のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも 80% 同一である、核酸カセット:

遺伝子 7 の ORF 内の領域、遺伝子 8 の ORF 内の領域、遺伝子 9 の ORF 内の領域、遺伝子 10 の ORF 内の領域、遺伝子 11 の ORF 内の領域、遺伝子 12 の ORF 内の領域、遺伝子 13 の ORF 内の領域、遺伝子 14 の ORF 内の領域、遺伝子 15 の ORF 内の領域、遺伝子 17 の ORF 内の領域、遺伝子 18 の ORF 内の領域、遺伝子 19 の ORF 内の領域、遺伝子 38 の ORF 内の領域、遺伝子 39 の ORF 内の領域、遺伝子 46 の ORF 内の領域、遺伝子 47 の ORF 内の領域、遺伝子 48 の ORF 内の領域、遺伝子 49 の ORF 内の領域、遺伝子 50 の ORF 内の領域、遺伝子 56 の ORF 内の領域、遺伝子 57 の ORF 内の領域、遺伝子 58 の ORF 内の領域、遺伝子 59 の ORF 内の領域、遺伝子 61 の ORF 内の領域、遺伝子 62 の ORF 内の領域、遺伝子 63 の ORF 内の領域、遺伝子 64 の ORF 内の領域、遺伝子 65 の ORF 内の領域、遺伝子 66 の ORF 内の領域、遺伝子 67 の ORF 内の領域、遺伝子 68 の ORF 内の領域、遺伝子 69 の ORF 内の領域、遺伝子 70 の ORF 内の領域、遺伝子 7 の ORF に隣接する領域、遺伝子 8 の ORF に隣接する領域、遺伝子 9 の ORF に隣接する領域、遺伝子 10 の ORF に隣接する領域、遺伝子 11 の ORF に隣接する領域、遺伝子 12 の ORF に隣接する領域、遺伝子 13 の ORF に隣接する領域、遺伝子 14 の ORF に隣接する領域、遺伝子 15 の ORF に隣接する領域、遺伝子 17 の ORF に隣接する領域、遺伝子 18 の ORF に隣接する領域、遺伝子 19 の ORF に隣接する領域、遺伝子 38 の ORF に隣接する領域、遺伝子 39 の ORF に隣接する領域、遺伝子 46 の ORF に隣接する領域、遺伝子 47 の ORF に隣接する領域、遺伝子 48 の ORF に隣接する領域、遺伝子 49 の ORF に隣接する領域、遺伝子 50 の ORF に隣接する領域、遺伝子 56 の ORF に隣接する領域、遺伝子 57 の ORF に隣接する領域、遺伝子 58 の ORF に隣接する領域、遺伝子 59 の ORF に隣接する領域、遺伝子 61 の ORF に隣接する領域、遺伝子 62 の ORF に隣接する領域、遺伝子 63 の ORF に隣接する領域、遺伝子 64 の ORF に隣接する領域、遺伝子 65 の ORF に隣接する領域、遺伝子 66 の ORF に隣接する領域、遺伝子 67 の ORF に隣接する領域、遺伝子 68 の ORF に隣接する領域、遺伝子 69 の ORF に隣接する領域、および遺伝子 70 の ORF に隣接する領域。

【請求項 78】

請求項 68 に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第 1 および第 2 のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも 85% 同一である、核酸カセット:

遺伝子 7 の ORF 内の領域、遺伝子 8 の ORF 内の領域、遺伝子 9 の ORF 内の領域、遺伝子 10 の ORF 内の領域、遺伝子 11 の ORF 内の領域、遺伝子 12 の ORF 内の領域、遺伝子 13 の ORF 内の領域、遺伝子 14 の ORF 内の領域、遺伝子 15 の ORF 内の領域、遺伝子 17 の ORF 内の領域、遺伝子 18 の ORF 内の領域、遺伝子 19 の ORF 内の領域、遺伝子 38 の ORF 内の領域、遺伝子 39 の ORF 内の領域、遺伝子 46 の ORF 内の領域、遺伝子 47 の ORF 内の領域、遺伝子 48 の ORF 内の領域、遺伝子 49 の ORF 内の領域、遺伝子 50 の ORF 内の領域、遺伝子 56 の ORF 内の領域、遺伝子 57 の ORF 内の領域、遺伝子 58 の ORF 内の領域、遺伝子 59 の ORF 内の領域、遺伝子 61 の ORF 内の領域、遺伝子 62 の ORF 内の領域、遺伝子 63 の ORF 内の領域、遺伝子 64 の ORF 内の領域、遺伝子 65 の ORF 内の領域、遺伝子 66 の ORF 内の領域、遺伝子 67 の ORF 内の領域、遺伝子 68 の ORF 内の領域、遺伝子 69 の ORF 内の領域、遺伝子 70 の ORF 内の領域、遺伝子 7 の ORF に隣接する領域、遺伝子 8 の ORF に隣接する領域、遺伝子 9 の ORF に隣接する領域、遺伝子 10 の ORF に隣接する領域、遺伝子 11 の ORF に隣接する領域、遺伝子 12 の ORF に隣接する領域、遺伝子 13 の ORF に隣接する領域、遺伝子 14 の ORF に隣接する領域、遺伝子 15 の ORF に隣接する領域、遺伝子 17 の ORF に隣接する領域、遺伝子 18 の ORF に隣接する領域、遺伝子 19 の ORF に隣接する領域、遺伝子 38 の ORF に隣接する領域、遺伝

子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子62のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

【請求項79】

請求項68に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも90%同一である、核酸カセット：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子62のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子62のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

【請求項80】

請求項68に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも95%同一である、核酸カセット：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子

子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子62のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子62のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

【請求項 81】

請求項68に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメントが異なる領域に由来する、核酸カセット。

【請求項 82】

前記第1および第2のフラグメントが、各々独立して、遺伝子11のORFに隣接する領域または遺伝子12のORFに隣接する領域由来である、請求項72に記載の核酸カセット。

【請求項 83】

前記BACベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、請求項68に記載の核酸カセット。

【請求項 84】

前記BACベクター配列が選択マーカーを含む、請求項68に記載の核酸カセット。

【請求項 85】

前記選択マーカーが薬剤選択マーカーである、請求項84に記載の核酸カセット。

【請求項 86】

前記選択マーカーがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、請求項68に記載の核酸カセット。

【請求項 87】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、請求項68に記載の核酸カセット。

【請求項 88】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、請求項68に記載の核酸カセット。

【請求項 89】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムがOkavakチン株由来である、請求項68に記載の核酸カセット。

【請求項 90】

前記BACベクター配列が配列番号7に記載の核酸配列を有する、請求項68に記載の核酸カセット。

【請求項 91】

配列番号2に記載の核酸配列を有する、請求項68に記載の核酸カセット。

【書類名】明細書

【発明の名称】組換え水痘带状疱疹ウイルス

【技術分野】

【0 0 0 1】

本発明は、組換え水痘带状疱疹ウイルス、特にBAC（大腸菌人工染色体）を用いて調製した組換え水痘带状疱疹ウイルス、およびそのようなウイルスを含む薬学的組成物に関する。さらに、本発明は、水痘带状疱疹ウイルスゲノム遺伝子とBACベクター配列とを含むベクター、ならびにそのようなベクターを含む細胞に関する。さらに、本発明は、組換え水痘带状疱疹ウイルスを製造する方法に関する。また、本発明は、水痘带状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得るフラグメント、およびBACベクター配列を含む核酸カセットに関する。

【背景技術】

【0 0 0 2】

水痘带状疱疹ウイルス（*varicella-zoster virus*；VZV）は、ヒトヘルペス科に属するウイルスであり、二つの異なる臨床像を呈する疾患（水痘および带状疱疹）の原因である。このウイルスの初期感染は水痘（水疱瘡）を引き起こす。その後、ウイルスは、神経節に潜伏感染し、長い年月を経た後、何らかの誘因によって再活性化され、带状疱疹（ウイルス粒子が形成され、神経を伝わって表皮細胞に達し、神経分布領域に水痘を形成する症状）を引き起こす。

【0 0 0 3】

VZVのゲノムは、二本鎖DNAであって、約125000塩基からなる。全塩基配列は、Davisonらによって決定されており、ゲノム上には少なくとも72の遺伝子が存在することが知られている。

【0 0 0 4】

VZVのワクチンの開発は困難であり、VZVワクチンOk a株は、高橋ら（特公昭53-41202号）によって開発された世界で唯一の水痘带状疱疹ウイルス用ワクチンである。現行の弱毒生水痘ワクチンは、弱毒水痘ウイルスOk a株に由来のウイルスをシードに用いて製造され、世界の諸国で広く実用に供されている（Requirements for Varicella Vaccine (Live) Adopted 1984; Revised 1993: WHO Technical Report Series, No. 848, pp. 22-38, 1994）。このOk a株は、典型的な水痘を呈した患児から、分離されたウイルス（Ok a原株）を、ヒト胎児肺細胞を用いて34℃で12代、モルモット胎児細胞を用いて11代継代した後、ヒト二倍体細胞で数代継代して得られたものである。Ok a原株は、強い病原性を有するのに対して、Ok aワクチン株（Ok a株）は、健常児に接種してもほとんど副作用は認められない。そのため、Ok a株は、病原性のほとんどないワクチン株として有用である。

【0 0 0 5】

ウイルスワクチンは、その継代培養とともに、遺伝子型が変化する可能性を有する。また、Ok a株自体の調製過程において多数の継代培養がされていることから、Ok a株自体も遺伝的に多様性を有する可能性がある。実際に、ワクチンの安全性と有効性を確保するために、ワクチン製造工程での継代によるウイルスの遺伝的変異を考慮し、製造承認された水痘シードウイルスの継代数の制限、即ち、シード承認時の継代数を0代としてそこから総継代数10代以内のウイルスをワクチンに用いるとするシードロットシステムが制定されている。

【0 0 0 6】

一方、水痘ワクチンの効果の追跡や市販後調査（PMS: Post-Marketing Surveillance）、また、疫学の観点から、自然感染による水痘患者から分離した水痘ウイルス新鮮野外株と上記Ok a株に由来のワクチン株との間のウイルス学的相違の解析が必要となり、免疫学および遺伝子工学等を駆使した解析が、既に種々試みられている。例えば、水痘ウイルス株間での遺伝子構造やDNA塩基配列の違い（J our

nal of General Virology, 59, 660-668, 1986; 同前, 67, 1759-1816, 1986)、制限酵素Pst Iサイトの有無 (Japanese Journal of Experimental Medicine, 59, 233-237, 1989)、PCR (Polymerase Chain Reaction) を用いるRFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) に基づく判定 (Journal of Virology, 66, 1016-1020, 1992)、上記Pst Iサイトの有無とRFLPとの組み合わせ (Journal of Clinical Microbiology, 33, 658-660, 1995) 等による試行が報告されている。しかし、これらはいずれも、新鮮野外株とOk a株に由来のワクチン株とを鑑別するための条件を提起しているものであるが、Ok a株自体の遺伝的多様性の問題から、信頼性に欠け、確定的ではなく、そのため、ワクチンの品質管理において問題がある。更に、水痘ウイルスのgene 14領域を用いる水痘ウイルスOk a株の同定方法 (米国特許第6, 093, 535号) や、gene 62領域を用いる弱毒生水痘ワクチン用ウイルス株の同定方法 (国際公開番号WO 00/50603) 等も知られているが、いずれの技術も、水痘ウイルスOk a株 (強毒親株)、これより派生したワクチン株 (弱毒Ok a株)、及びOk a株以外の水痘ウイルス株の三者間の相違の検定を可能にしたものの、弱毒生水痘ワクチンの品質管理及び品質保証のための製剤基準としては必ずしも十分ではない。

【0007】

現状では、ワクチンの品質を評価および確認するための方法、例えば、シードウイルスやワクチンウイルスのゲノムDNAの直接的ないしは定量的な遺伝子解析による品質管理は行われていないので、生ワクチン用の弱毒株の品質管理及び品質保証の精度は算出不能であり曖昧である。従って、品質管理及び品質保証の精度を高めることは、弱毒生水痘ワクチンの有効性・安全性・均質性を確保し保証する上で極めて重要である。しかし、上述の通り、未だその方法は確立されておらず、解決すべき急務の課題として残されていた。

【0008】

また、Ok a株よりも優れた改変体水痘帯状疱疹ウイルスワクチンを開発するために、変異導入による組換え水痘帯状疱疹ウイルスおよびその作製方法も求められていた。

【特許文献1】特公昭53-41202号

【特許文献2】米国特許第6, 093, 535号

【特許文献3】国際公開番号WO 00/50603

【非特許文献1】Requirements for Varicella Vaccine (Live) Adopted 1984; Revised 1993: WHO Technical Report Series, No. 848, pp. 22-38, 1994

【非特許文献2】Journal of General Virology, 59, 660-668, 1986

【非特許文献3】Journal of General Virology, 67, 1759-1816, 1986

【非特許文献4】Japanese Journal of Experimental Medicine, 59, 233-237, 1989

【非特許文献5】Journal of Virology, 66, 1016-1020, 1992

【非特許文献6】Journal of Clinical Microbiology, 33, 658-660, 1995

【発明の開示】

【発明が解決しようとする課題】

【0009】

本発明の課題は、水痘帯状疱疹ウイルスワクチンの品質管理及び品質保証の精度を高め、弱毒生水痘ワクチンの有効性・安全性・均質性を確保し保証することにある。さらに本

発明の課題は、Oka株よりも優れた改変体水痘带状疱疹ウイルスワクチンを開発するために、変異導入による組換え水痘带状疱疹ウイルスを作製する方法を確立して、そのようなウイルスを提供することにある。

【0010】

そのために、本発明においては、組換え水痘带状疱疹ウイルス、およびその製造方法、例えば、BAC（大腸菌人工染色体）を用い、単一のウイルス株から組換え水痘带状疱疹ウイルスを作製する方法が、提供される。

【課題を解決するための手段】

【0011】

本発明者らは、BACベクター配列を用いる組換え水痘带状疱疹ウイルス製造方法を開発することによって、本発明を完成した。

【0012】

従って、本発明は以下を提供する。

1. 組換え水痘带状疱疹ウイルス。
2. BACベクター配列を含む、項目1に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。
3. 水痘带状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内に前記BACベクター配列の少なくとも一部が挿入されている、項目2に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。
4. 前記非必須領域が、以下の領域からなる群から選択される、項目3に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

5. 前記非必須領域が、遺伝子11のORFに隣接する領域または遺伝子12のORFに隣接する領域である、項目4に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

6. 水痘带状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子62のORF内の領域に前記BACベクター配列の少なくとも一部が挿入されている、項目2に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

7. 前記BACベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、項目2に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

8. 前記BACベクター配列が選択マーカを含む、項目2に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

9. 前記選択マーカが薬剤選択マーカである、項目8に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

10. 前記選択マーカがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、項目2に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

11. 前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、項目2に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

12. 前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、項目2に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

13. 前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムがOkavukチン株由来である、項目2に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

14. 前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが遺伝子62および遺伝子6に変異を有する、項目2に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

15. 前記遺伝子62が、配列番号5の塩基配列において、少なくとも以下(a)～(d)の塩基置換:

(a) 2110番塩基がG;

(b) 3100番塩基がG;

(c) 3818番塩基がC;および

(d) 4006番塩基がG、

ならびに前記遺伝子6が、配列番号8の塩基配列において、少なくとも5745番塩基がGである塩基置換、

を有する、項目14に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

16. 前記BACベクター配列が配列番号7に記載の配列を有するベクターである、項目2に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

17. 項目1に記載のウイルスを含有する薬学的組成物。

18. ワクチンの形態である、項目17に記載の薬学的組成物。

19. 遺伝子62以外の水痘带状疱疹ウイルスゲノム必須遺伝子とBACベクター配列とを含む、ベクター。

20. さらに遺伝子62を含む、項目19に記載のベクター。

21. 哺乳動物細胞に導入された場合、該哺乳動物細胞が水痘带状疱疹ウイルスを産生する、項目19に記載のベクター。

22. 前記水痘带状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記BACベクター配列と連結する部位が、該水痘带状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内である、項目19に記載のベクター。

23. 前記非必須領域が、以下の領域からなる群から選択される、項目22に記載のベクター:

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORF

に隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

24. 前記連結する部位が、遺伝子11のORFに隣接する領域または遺伝子12のORFに隣接する領域である、項目23に記載のベクター。

25. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記BACベクター配列と連結する部位が、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子62のORF内の領域内である、項目19に記載のベクター。

26. 前記BACベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、項目19に記載のベクター。

27. 前記BACベクター配列が選択マーカを含む、項目19に記載のベクター。

28. 前記選択マーカが薬剤選択マーカである、項目27に記載のベクター。

29. 前記選択マーカがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、項目27に記載のベクター。

30. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、項目19に記載のベクター。

31. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、項目19に記載のベクター。

32. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムがOkavakチン株由来である、項目19に記載のベクター。

33. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが遺伝子62および遺伝子6に変異を有する、項目19に記載のベクター。

34. 前記遺伝子62が、配列番号5の塩基配列において、少なくとも以下(a)～(d)の塩基置換:

(a) 2110番塩基がG;

(b) 3100番塩基がG;

(c) 3818番塩基がC;および

(d) 4006番塩基がG、

ならびに前記遺伝子6が、配列番号8の塩基配列において、少なくとも5745番塩基がGである塩基置換、

を有する、項目33に記載のベクター。

35. 前記BACベクター配列が配列番号7に記載の配列を有するベクターである、項目19に記載のベクター。

36. 項目19に記載のベクターを含む、細胞。

37. 細菌である、項目36に記載の細胞。

38. E. coliである、項目37に記載の細菌。

39. 哺乳動物細胞である、項目36に記載の細胞。

40. ヒト由来の細胞である、項目39に記載の哺乳動物細胞。

41. 項目39に記載の哺乳動物細胞によって産生された、ウイルス。

42. 項目41に記載のウイルスを含有する薬学的組成物。

43. ワクチンの形態である、項目42に記載の薬学的組成物。

44. 組換え水痘带状疱疹ウイルスの製造方法であって、以下の工程:

遺伝子62以外の水痘带状疱疹ウイルスゲノム必須遺伝子とBACベクター配列とを含むベクターを、哺乳動物宿主細胞に導入する工程; および

該哺乳動物宿主細胞を培養して、組換え水痘带状疱疹ウイルスを産生させる工程、を包含する、方法。

45. 前記ベクターがさらに遺伝子62を含む、項目44に記載の方法。

46. 前記哺乳動物宿主細胞がヒト由来の細胞である、項目44に記載の方法。

47. 前記BACベクター配列が少なくとも2つの組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、項目44に記載の方法。

48. 項目47に記載の方法であって、前記2つの組換えタンパク質依存性組換え配列間での組換えを起こす工程をさらに包含する、方法。

49. 前記水痘带状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記BACベクター配列と連結する部位が、該水痘带状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内である、項目44に記載の方法。

50. 前記非必須領域が、以下の領域からなる群から選択される、項目49に記載の方法:

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

51. 前記非必須領域が、遺伝子11のORFに隣接する領域または遺伝子12のORFに隣接する領域である、項目50に記載の方法。

52. 前記水痘带状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記BACベクター配列と連結する部位が、該水痘带状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子62のORF内の領域である、項目44に記載の方法。

53. 前記BACベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、項目44に記載の方法。

54. 前記BACベクター配列が選択マーカを含む、項目44に記載の方法。

55. 前記選択マーカが薬剤選択マーカである、項目54に記載の方法。

56. 前記選択マーカがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、項目54

に記載の方法。

57. 前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、項目44に記載の方法。

58. 前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、項目44に記載の方法。

59. 前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムがOkavukチン株由来である、項目44に記載の方法。

60. 前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが遺伝子62および遺伝子6に変異を有する、項目44に記載の方法。

61. 前記遺伝子62が、配列番号5の塩基配列において、少なくとも以下(a)～(d)の塩基置換:

(a) 2110番塩基がG;

(b) 3100番塩基がG;

(c) 3818番塩基がC; および

(d) 4006番塩基がG、

ならびに前記遺伝子6が、配列番号8の塩基配列において、少なくとも5745番塩基がGである塩基置換、

を有する、項目60に記載の方法。

62. 前記BACベクター配列が配列番号7に記載の配列を有するベクターである、項目44に記載の方法。

63. 項目44に記載の方法によって製造されたウイルス。

64. 項目63に記載のウイルスを含有する薬学的組成物。

65. ワクチンの形態である、項目64に記載の薬学的組成物。

【0013】

66. 項目19に記載のベクターに変異を導入する方法であって、以下の工程:

該ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程;

水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメントを含むプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該フラグメントは少なくとも1つの変異を有する、工程;

該細菌宿主細胞を培養する工程;

該培養した細菌宿主細胞から、BACベクター配列を有するベクターを単離する工程、を包含する、方法。

67. 項目19に記載のベクターに変異を導入する方法であって、以下の工程:

該ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程;

水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなる第1のフラグメントを含む第1のプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該第1のフラグメントは少なくとも1つの変異を有する、工程;

水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなる第2のフラグメントを含む第2のプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該第2のフラグメントは少なくとも1つの変異を有し、そして該第2のフラグメントは該第1のフラグメントとは異なる、工程;

該細菌宿主細胞を培養する工程;

該培養した細菌宿主細胞から、BACベクター配列を有するベクターを単離する工程、を包含する、方法。

68. 細菌細胞内において水痘带状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得る第1のフラグメント、BACベクター配列、および細菌細胞内において水痘带状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得る第2のフラグメントを含む核酸カセットであって、ここで、該BAC配列の両端の各々がそれぞれ第1のフラグメントおよび第2のフラグメントと連結する、核酸カセット。

69. 前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが少なくとも1kbである、項目68に記載の核酸カセット。

70. 前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが少なくとも1.5 kbである、項目68に記載の核酸カセット。

71. 前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが少なくとも2 kbである、項目68に記載の核酸カセット。

72. 前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも80%同一である、項目68に記載の核酸カセット。

73. 前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも85%同一である、項目68に記載の核酸カセット。

74. 前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも90%同一である、項目68に記載の核酸カセット。

75. 前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも95%同一である、項目68に記載の核酸カセット。

76. 項目68に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域由来である、核酸カセット：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子62のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子62のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

77. 項目68に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも80%同一である、核酸カセット：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子4

9のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子62のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子62のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

78. 項目68に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも85%同一である、核酸カセット:

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子62のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子62のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

79. 項目68に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメ

ントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも90%同一である、核酸カセット:

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子62のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子62のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

80. 項目68に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも95%同一である、核酸カセット:

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子62のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する

領域、遺伝子 50 の ORF に隣接する領域、遺伝子 56 の ORF に隣接する領域、遺伝子 57 の ORF に隣接する領域、遺伝子 58 の ORF に隣接する領域、遺伝子 59 の ORF に隣接する領域、遺伝子 61 の ORF に隣接する領域、遺伝子 62 の ORF に隣接する領域、遺伝子 63 の ORF に隣接する領域、遺伝子 64 の ORF に隣接する領域、遺伝子 65 の ORF に隣接する領域、遺伝子 66 の ORF に隣接する領域、遺伝子 67 の ORF に隣接する領域、遺伝子 68 の ORF に隣接する領域、遺伝子 69 の ORF に隣接する領域、および遺伝子 70 の ORF に隣接する領域。

81. 項目 68 に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第 1 および第 2 のフラグメントが異なる領域に由来する、核酸カセット。

82. 前記第 1 および第 2 のフラグメントが、各々独立して、遺伝子 11 の ORF に隣接する領域または遺伝子 12 の ORF に隣接する領域由来である、項目 72 に記載の核酸カセット。

83. 前記 BAC ベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、項目 68 に記載の核酸カセット。

84. 前記 BAC ベクター配列が選択マーカーを含む、項目 68 に記載の核酸カセット。

85. 前記選択マーカーが薬剤選択マーカーである、項目 84 に記載の核酸カセット。

86. 前記選択マーカーがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、項目 68 に記載の核酸カセット。

87. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、項目 68 に記載の核酸カセット。

88. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、項目 68 に記載の核酸カセット。

89. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが Okavukhin 株由来である、項目 68 に記載の核酸カセット。

90. 前記 BAC ベクター配列が配列番号 7 に記載の核酸配列を有する、項目 68 に記載の核酸カセット。

91. 配列番号 2 に記載の核酸配列を有する、項目 68 に記載の核酸カセット。

【発明の効果】

【0014】

本発明によって、組換え水痘帯状疱疹ウイルス、およびその製造方法が提供される。例えば、本発明によって、BAC（大腸菌人工染色体）を用い、単一のウイルス株から組換え水痘帯状疱疹ウイルスを作製する方法、およびその方法によって作製された組換え水痘帯状疱疹ウイルスが提供される。また、本発明によって、組換え水痘帯状疱疹ウイルスを含む薬学的組成物がまた提供される。

【0015】

さらに、本発明によって、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム遺伝子と BAC ベクター配列とを含むベクター、およびそのようなベクターを含む細胞、ならびに水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得るフラグメント、および BAC ベクター配列を含む核酸カセットが提供される。

【発明を実施するための最良の形態】

【0016】

以下、本発明を説明する。本明細書の全体にわたり、単数形の表現は、特に言及しない限り、その複数形の概念をも含むことが理解されるべきである。また、本明細書において使用される用語は、特に言及しない限り、当該分野で通常用いられる意味で用いられることが理解されるべきである。したがって、他に定義されない限り、本明細書中で使用される全ての専門用語および科学技術用語は、本発明の属する分野の当業者によって一般的に理解されるのと同じ意味を有する。矛盾する場合、本明細書（定義を含めて）が優先する。

【0017】

（用語の定義）

以下に本明細書において特に使用される用語の定義を列挙する。

【0018】

本明細書において使用される場合、水痘带状疱疹ウイルスの「必須遺伝子」とは、水痘带状疱疹ウイルスが増殖するために必須の遺伝子をいう。また、水痘带状疱疹ウイルスの「非必須遺伝子」とは、水痘带状疱疹ウイルスが増殖するために必須ではない遺伝子であり、たとえ欠損したとしても、水痘带状疱疹ウイルスが増殖し得る遺伝子をいう。水痘带状疱疹ウイルスの非必須遺伝子としては、例えば、以下が挙げられるが、これらに限定されない：遺伝子7、遺伝子8、遺伝子9、遺伝子10、遺伝子11、遺伝子12、遺伝子13、遺伝子14、遺伝子15、遺伝子17、遺伝子18、遺伝子19、遺伝子38、遺伝子39、遺伝子46、遺伝子47、遺伝子48、遺伝子49、遺伝子50、遺伝子56、遺伝子57、遺伝子58、遺伝子59、遺伝子61、遺伝子63、遺伝子64、遺伝子65、遺伝子66、遺伝子67、遺伝子68、遺伝子69、および遺伝子70。

【0019】

ウイルスゲノム中の遺伝子が必須遺伝子である場合、その遺伝子の破壊によってウイルスは増殖できなくなる。従って、ウイルスゲノム中の任意の遺伝子を破壊して、そのウイルスの増殖を検出することによって、その遺伝子が必須遺伝子か非必須遺伝子かを決定することができる。

【0020】

本明細書において水痘带状疱疹ウイルスの「野生株」とは、人工的な改変を受けていない、天然より単離された水痘带状疱疹ウイルス株をいう。野生株の例としては、Davison, A. J. および Scott, J. E. (J. Gen. Virol. 67 (Pt 9), 1759-1816 (1986)) が同定した Dumas 株が挙げられるが、これに限定されない。この Dumas 株の核酸配列を配列番号5に記載する。この Dumas 株の ORF の番号および位置は、以下のとおりである。

ORF 番号	読み枠の方向	ゲノム上の位置	アミノ酸残基数
ORF 1	3' → 5' 方向	589 ~ 915	アミノ酸 1-108
ORF 2	5' → 3' 方向	1134 ~ 1850	アミノ酸 1-238
ORF 3	3' → 5' 方向	1908 ~ 2447	アミノ酸 1-179
ORF 4	3' → 5' 方向	2783 ~ 4141	アミノ酸 1-452
ORF 5	3' → 5' 方向	4252 ~ 5274	アミノ酸 1-340
ORF 6	3' → 5' 方向	5326 ~ 8577	アミノ酸 1-1083
ORF 7	5' → 3' 方向	8607 ~ 9386	アミノ酸 1-259
ORF 8	3' → 5' 方向	9477 ~ 10667	アミノ酸 1-396
ORF 9	5' → 3' 方向	11009 ~ 11917	アミノ酸 1-302
ORF 9A	5' → 3' 方向	10642 ~ 10902	アミノ酸 1-87
ORF 10	5' → 3' 方向	12160 ~ 13392	アミノ酸 1-410
ORF 11	5' → 3' 方向	13590 ~ 16049	アミノ酸 1-819
ORF 12	5' → 3' 方向	16214 ~ 18199	アミノ酸 1-661
ORF 13	5' → 3' 方向	18441 ~ 19346	アミノ酸 1-301
ORF 14	3' → 5' 方向	19431 ~ 21113	アミノ酸 1-560
ORF 15	3' → 5' 方向	21258 ~ 22478	アミノ酸 1-406
ORF 16	3' → 5' 方向	22568 ~ 23794	アミノ酸 1-408
ORF 17	5' → 3' 方向	24149 ~ 25516	アミノ酸 1-455
ORF 18	3' → 5' 方向	25573 ~ 26493	アミノ酸 1-306
ORF 19	3' → 5' 方向	26518 ~ 28845	アミノ酸 1-775
ORF 20	3' → 5' 方向	29024 ~ 30475	アミノ酸 1-483
ORF 21	5' → 3' 方向	30759 ~ 33875	アミノ酸 1-1038
ORF 22	5' → 3' 方向	34083 ~ 42374	アミノ酸 1-2763
ORF 23	3' → 5' 方向	42431 ~ 43138	アミノ酸 1-235
ORF 24	3' → 5' 方向	43212 ~ 44021	アミノ酸 1-269

ORF 25	3' → 5' 方向	4 4 1 4 8 ~ 4 4 6 1 8	アミノ酸 1-156
ORF 26	5' → 3' 方向	4 4 5 0 6 ~ 4 6 2 6 3	アミノ酸 1-585
ORF 27	5' → 3' 方向	4 6 1 2 7 ~ 4 7 1 2 8	アミノ酸 1-333
ORF 28	3' → 5' 方向	4 7 0 5 2 ~ 5 0 6 3 6	アミノ酸 1-1194
ORF 29	5' → 3' 方向	5 0 8 5 7 ~ 5 4 4 7 1	アミノ酸 1-1204
ORF 30	5' → 3' 方向	5 4 6 5 1 ~ 5 6 9 6 3	アミノ酸 1-770
ORF 31	5' → 3' 方向	5 7 0 0 8 ~ 5 9 6 1 4	アミノ酸 1-868
ORF 32	5' → 3' 方向	5 9 7 6 6 ~ 6 0 1 9 7	アミノ酸 1-143
ORF 33	3' → 5' 方向	6 0 3 2 1 ~ 6 2 1 3 8	アミノ酸 1-605
ORF 33.5	3' → 5' 方向	6 0 3 2 1 ~ 6 1 2 2 9	アミノ酸 1-301
ORF 34	3' → 5' 方向	6 2 1 7 1 ~ 6 3 9 1 0	アミノ酸 1-579
ORF 35	3' → 5' 方向	6 3 9 7 7 ~ 6 4 7 5 3	アミノ酸 1-258
ORF 36	5' → 3' 方向	6 4 8 0 7 ~ 6 5 8 3 2	アミノ酸 1-341
ORF 37	5' → 3' 方向	6 6 0 7 4 ~ 6 8 5 9 9	アミノ酸 1-841
ORF 38	3' → 5' 方向	6 8 6 6 8 ~ 7 0 2 9 3	アミノ酸 1-541
ORF 39	5' → 3' 方向	7 0 6 3 3 ~ 7 1 3 5 5	アミノ酸 1-240
ORF 40	5' → 3' 方向	7 1 5 4 0 ~ 7 5 7 3 0	アミノ酸 1-1396
ORF 41	5' → 3' 方向	7 5 8 4 7 ~ 7 6 7 9 7	アミノ酸 1-316
ORF 42 + 45	3' → 5' 方向	7 6 8 5 1 ~ 7 8 0 3 8 および 8 1 5 3 8 ~ 8 2 5 9 3	アミノ酸 1-747
ORF 43	5' → 3' 方向	7 8 1 7 0 ~ 8 0 2 0 0	アミノ酸 1-676
ORF 44	5' → 3' 方向	8 0 3 6 0 ~ 8 1 4 5 1	アミノ酸 1-363
ORF 46	5' → 3' 方向	8 2 7 1 9 ~ 8 3 3 1 8	アミノ酸 1-199
ORF 47	5' → 3' 方向	8 3 1 6 8 ~ 8 4 7 0 0	アミノ酸 1-510
ORF 48	5' → 3' 方向	8 4 6 6 7 ~ 8 6 3 2 2	アミノ酸 1-551
ORF 49	5' → 3' 方向	8 6 2 2 6 ~ 8 6 4 7 1	アミノ酸 1-81
ORF 50	3' → 5' 方向	8 6 5 7 5 ~ 8 7 8 8 2	アミノ酸 1-435
ORF 51	5' → 3' 方向	8 7 8 8 1 ~ 9 0 3 8 8	アミノ酸 1-835
ORF 52	5' → 3' 方向	9 0 4 9 3 ~ 9 2 8 0 8	アミノ酸 1-771
ORF 53	3' → 5' 方向	9 2 8 5 5 ~ 9 3 8 5 0	アミノ酸 1-331
ORF 54	3' → 5' 方向	9 3 6 7 5 ~ 9 5 9 8 4	アミノ酸 1-769
ORF 55	5' → 3' 方向	9 5 9 9 6 ~ 9 8 6 4 1	アミノ酸 1-881
ORF 56	5' → 3' 方向	9 8 5 6 8 ~ 9 9 3 0 2	アミノ酸 1-244
ORF 57	3' → 5' 方向	9 9 4 1 1 ~ 9 9 6 2 6	アミノ酸 1-71
ORF 58	3' → 5' 方向	9 9 6 0 7 ~ 1 0 0 2 7 2	アミノ酸 1-221
ORF 59	3' → 5' 方向	1 0 0 3 0 2 ~ 1 0 1 2 1 9	アミノ酸 1-305
ORF 60	3' → 5' 方向	1 0 1 1 7 0 ~ 1 0 1 6 4 9	アミノ酸 1-159
ORF 61	3' → 5' 方向	1 0 3 0 8 2 ~ 1 0 4 4 8 5	アミノ酸 1-467
ORF 62	3' → 5' 方向	1 0 5 2 0 1 ~ 1 0 9 1 3 3	アミノ酸 1-1310
ORF 63	5' → 3' 方向	1 1 0 5 8 1 ~ 1 1 1 4 1 7	アミノ酸 1-278
ORF 64	5' → 3' 方向	1 1 1 5 6 5 ~ 1 1 2 1 0 7	アミノ酸 1-180
ORF 65	3' → 5' 方向	1 1 2 3 3 2 ~ 1 1 2 6 4 0	アミノ酸 1-102
ORF 66	5' → 3' 方向	1 1 3 0 3 7 ~ 1 1 4 2 1 8	アミノ酸 1-393
ORF 67	5' → 3' 方向	1 1 4 4 9 6 ~ 1 1 5 5 6 0	アミノ酸 1-354
ORF 68	5' → 3' 方向	1 1 5 8 0 8 ~ 1 1 7 6 7 9	アミノ酸 1-623
ORF 69	3' → 5' 方向	1 1 7 7 9 0 ~ 1 1 8 3 3 2	アミノ酸 1-180
ORF 70	3' → 5' 方向	1 1 8 4 8 0 ~ 1 1 9 3 1 6	アミノ酸 1-278
ORF 71	5' → 3' 方向	1 2 0 7 6 4 ~ 1 2 4 6 9 6	アミノ酸 1-1310

上記の表で、「5' → 3' 方向」とは、ORF が配列番号 5 の核酸配列と同一の方向にあることを示し、「3' → 5' 方向」とは、ORF が配列番号 5 の核酸配列と逆の方向にあることを示す。

ることを示す。上記ORFの核酸配列および／またはアミノ酸配列と相同な配列を同定することによって、当業者は、Dumas株以外の株由来のゲノム中のORFを同定することを容易になし得る。

【0021】

本明細書において「変異株」とは、野生株であるウイルス株に、変異誘発、多数回の継代培養などによって変異誘発をした水痘带状疱疹ウイルス株をいう。水痘带状疱疹ウイルス株に変異誘発する場合、この変異誘発は、ランダムな変異導入であっても、部位特異的な変異導入であってもよい。

【0022】

本明細書において使用する場合、「弱毒化ウイルス」とは、ウイルス変異株の一種であって毒性が野生株より減弱化されているものをいう。ウイルス変異株が毒性が野生株より減弱化されているか否かを決定する方法、すなわち、水痘带状疱疹ウイルスの病原性を試験する方法について、2つの方法が確立されている。

【0023】

動物モデルを用いる方法として、ヒトの皮膚を移植した重症複合免疫不全(SCID)マウスを作製し、これに水痘带状疱疹ウイルスを感染させることによって、病原性についての評価をする方法が周知である(J. Virol. 1998 Feb; 72 (2): 965-74,)。

【0024】

これに対し試験管内で病原性の評価を行う方法としては、ポアサイズが3 μ mのトランスウェルで仕切られた二層のウェルの下側に単層培養のヒトメラノーマ細胞を入れ、上側に水痘带状疱疹ウイルスを感染させた臍帯血単核球(CBMC)をそれぞれ入れ、7~8日培養した後のメラノーマ細胞のCPE(細胞変性効果)の程度を観察する方法もまた周知である(J. Virol. 2000 Feb; 74 (4): 1864-70)。

【0025】

また、病原性を直接確認する方法ではないが、本発明者らのこれまでの結果(J. Virol. 2002 Nov; 76 (22): 11447-59)から、ウイルスの病原性と増殖性には密接な関連があることが理解されているため、infectious center assayによってcell-to-cellの増殖性を調べることによって間接的に病原性について評価を行うことができる。

【0026】

人工的にウイルスを弱毒化する方法は、公知である。例えば、配列番号5に記載の遺伝子62において、少なくとも以下(a)~(d)の塩基置換:

- (a) 2110番塩基がG;
- (b) 3100番塩基がG;
- (c) 3818番塩基がC; および
- (d) 4006番塩基がG、

ならびに配列番号8に記載の遺伝子6において、少なくとも5745番塩基がGである塩基置換、

を有する水痘带状疱疹ウイルスを、弱毒化ウイルスとして使用可能である。

【0027】

上記水痘带状疱疹ウイルスを用いる代わりに、(a)~(d)の塩基置換に加え、以下の(e)~(g)の少なくとも1以上の塩基置換:

- (e) 1251番塩基がG;
- (f) 2226番塩基がG; および
- (g) 3657番塩基がG

を有する弱毒水痘ウイルス株を使用することが可能である。

【0028】

さらに、本発明において、上記水痘带状疱疹ウイルスを用いる代わりに、(a)~(g)の少なくとも1以上の塩基置換に加え、以下の(h)~(o)の少なくとも1以上の塩

基置換:

- (h) 1 6 2 番塩基がC;
- (i) 2 2 5 番塩基がC;
- (j) 5 2 3 番塩基がC;
- (k) 1 5 6 5 番塩基がC;
- (l) 1 7 6 3 番塩基がC;
- (m) 2 6 5 2 番塩基がC;
- (n) 4 0 5 2 番塩基がC; および
- (o) 4 1 9 3 番塩基がC

を有する弱毒水痘ウイルス株を使用することが可能である。

【0029】

あるいは、「弱毒化ウイルス」として、例えば、遺伝子62に、以下からなる群から選択される塩基置換の少なくとも1つを有するウイルスを使用し得る:

- (a) 2 1 1 0 番塩基がG;
- (b) 3 1 0 0 番塩基がG;
- (c) 3 8 1 8 番塩基がC;
- (d) 4 0 0 6 番塩基がG;
- (e) 1 2 5 1 番塩基がG;
- (f) 2 2 2 6 番塩基がG;
- (g) 3 6 5 7 番塩基がG;
- (h) 1 6 2 番塩基がC;
- (i) 2 2 5 番塩基がC;
- (j) 5 2 3 番塩基がC;
- (k) 1 5 6 5 番塩基がC;
- (l) 1 7 6 3 番塩基がC;
- (m) 2 6 5 2 番塩基がC;
- (n) 4 0 5 2 番塩基がC; および
- (o) 4 1 9 3 番塩基がC。

【0030】

本明細書において使用される用語「タンパク質」「ポリペプチド」、「オリゴペプチド」および「ペプチド」は、本明細書において同じ意味で使用され、任意の長さのアミノ酸のポリマーをいう。

【0031】

本明細書において使用される用語「ポリヌクレオチド」、「オリゴヌクレオチド」および「核酸」は、本明細書において同じ意味で使用され、任意の長さのヌクレオチドのポリマーをいう。他にそうではないと示されなければ、特定の核酸配列はまた、明示的に示された配列と同様に、その保存的に改変された改変体（例えば、縮重コドン置換体）および相補配列を包含することが企図される。具体的には、縮重コドン置換体は、1またはそれ以上の選択された（または、すべての）コドンの3番目の位置が混合塩基および/またはデオキシイノシン残基で置換された配列を作成することにより達成され得る（Batzeraら、Nucleic Acid Res. 19:5081 (1991); Ohtsukaraら、J. Biol. Chem. 260:2605-2608 (1985); Rossoliniら、Mol. Cell. Probes 8:91-98 (1994)）。

【0032】

本明細書において「遺伝子」とは、遺伝形質を規定する因子をいう。通常染色体上に一定の順序に配列している。タンパク質の一次構造を規定する遺伝子を構造遺伝子といい、その発現を左右する調節遺伝子という。本明細書では、「遺伝子」は、「ポリヌクレオチド」、「オリゴヌクレオチド」および「核酸」ならびに/あるいは「タンパク質」「ポリペプチド」、「オリゴペプチド」および「ペプチド」をさすことがある。本明細書において遺伝子の「オープンリーディングフレーム」または「ORF」とは、遺伝子の塩基配列

を 3 塩基ずつに区切った時の 3 通りの枠組の 1 つであって、開始コドンを含み、そして途中に終止コドンが出現せずある程度の長さを持ち、実際にタンパク質をコードする可能性のある読み枠をいう。水痘帯状疱疹ウイルスゲノムは、その全塩基配列が決定されており、少なくとも 7 1 個の遺伝子が同定されており、その遺伝子の各々がオープンリーディングフレーム (ORF) を有することが公知である。

【0033】

本明細書において、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム内の遺伝子の「ORF 内の領域」とは、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム内にある遺伝子において ORF を形成する塩基の存在する領域をいう。

【0034】

本明細書において、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム内の遺伝子の「ORF に隣接する領域」とは、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム内にある遺伝子において ORF の近傍にある塩基の存在する領域であって、その遺伝子または他の遺伝子の ORF 内の領域に該当しない領域をいう。

【0035】

本明細書において遺伝子の「相同性」とは、2 以上の遺伝子配列の、互いに対する同一性の程度をいう。従って、ある 2 つの遺伝子の相同性が高いほど、それらの配列の同一性または類似性は高い。2 種類の遺伝子が相同性を有するか否かは、配列の直接の比較、または核酸の場合ストリンジェントな条件下でのハイブリダイゼーション法によって調べられ得る。2 つの遺伝子配列を直接比較する場合、その遺伝子配列間で DNA 配列が、代表的には少なくとも 5 0 % 同一である場合、好ましくは少なくとも 7 0 % 同一である場合、より好ましくは少なくとも 8 0 %、9 0 %、9 5 %、9 6 %、9 7 %、9 8 % または 9 9 % 同一である場合、それらの遺伝子は相同性を有する。

【0036】

本明細書では塩基配列の同一性の比較および相同性の算出は、配列分析用ツールである BLAST を用いてデフォルトパラメータを用いて算出される。

【0037】

本明細書において遺伝子、ポリヌクレオチド、ポリペプチドなどの「発現」とは、その遺伝子などがインビボで一定の作用を受けて、別の形態になることをいう。好ましくは、遺伝子、ポリヌクレオチドなどが、転写および翻訳されて、ポリペプチドの形態になることをいうが、転写されて mRNA が作製されることもまた発現の一態様であり得る。より好ましくは、そのようなポリペプチドの形態は、翻訳後プロセッシングを受けたものであり得る。

【0038】

アミノ酸は、その一般に公知の 3 文字記号か、または IUPAC-IUB Biochemical Nomenclature Commission により推奨される 1 文字記号のいずれかにより、本明細書中で言及され得る。ヌクレオチドも同様に、一般に受け入れられた 1 文字コードにより言及され得る。

【0039】

本明細書において、「フラグメント」とは、全長のポリペプチドまたはポリヌクレオチド (長さが n) に対して、1 ~ $n-1$ までの配列長さを有するポリペプチドまたはポリヌクレオチドをいう。フラグメントの長さは、その目的に応じて、適宜変更することができ、例えば、その長さの下限としては、ポリペプチドの場合、3、4、5、6、7、8、9、10、15、20、25、30、40、50 およびそれ以上のアミノ酸が挙げられ、この具体的に列挙していない整数で表される長さ (例えば、11 など) もまた、下限として適切であり得る。また、ポリヌクレオチドの場合、5、6、7、8、9、10、15、20、25、30、40、50、75、100、200、300、400、500、600、700、800、900、1000 およびそれ以上のヌクレオチドが挙げられ、この具体的に列挙していない整数で表される長さ (例えば、11 など) もまた、下限として適切であり得る。

【0040】

BACベクター内の遺伝子がコードするポリペプチドは、天然型のポリペプチドと実質的に同一の作用を有する限り、アミノ酸配列中の1以上（例えば、1または数個）のアミノ酸が置換、付加および／または欠失していてもよく、糖鎖が置換、付加および／または欠失していてもよい。

【0041】

本明細書において使用する場合、「糖鎖」とは、単位糖（単糖および／またはその誘導体）が1つ以上連なってできた化合物をいう。単位糖が2つ以上連なる場合は、各々の単位糖同士の間は、グリコシド結合による脱水縮合によって結合する。このような糖鎖としては、例えば、生体中に含有される多糖類（グルコース、ガラクトース、マンノース、フコース、キシロース、N-アセチルグルコサミン、N-アセチルガラクトサミン、シアル酸ならびにそれらの複合体および誘導体）の他、分解された多糖、糖タンパク質、プロテオグリカン、グリコサミノグリカン、糖脂質などの複合生体分子から分解または誘導された糖鎖など広範囲なものが挙げられるがそれらに限定されない。したがって、本明細書では、糖鎖は、「多糖（ポリサッカリド）」、「糖質」、「炭水化物」と互換可能に使用され得る。また、特に言及しない場合、本明細書において「糖鎖」は、糖鎖および糖鎖含有物質の両方を包含する。

【0042】

あるアミノ酸を、同様の疎水性指数を有する他のアミノ酸により置換して、そして依然として同様の生物学的機能を有するタンパク質（例えば、酵素活性において等価なタンパク質）を生じさせ得ることが当該分野で周知である。このようなアミノ酸置換において、疎水性指数が±2以内であることが好ましく、±1以内であることがより好ましく、および±0.5以内であることがさらに好ましい。疎水性に基づくこのようなアミノ酸の置換は効率的であることが当該分野において理解される。親水性指標もまた、改変体作製において考慮される。米国特許第4,554,101号に記載されるように、以下の親水性指数がアミノ酸残基に割り当てられている：アルギニン（+3.0）；リジン（+3.0）；アスパラギン酸（+3.0±1）；グルタミン酸（+3.0±1）；セリン（+0.3）；アスパラギン（+0.2）；グルタミン（+0.2）；グリシン（0）；スレオニン（-0.4）；プロリン（-0.5±1）；アラニン（-0.5）；ヒスチジン（-0.5）；システイン（-1.0）；メチオニン（-1.3）；バリン（-1.5）；ロイシン（-1.8）；イソロイシン（-1.8）；チロシン（-2.3）；フェニルアラニン（-2.5）；およびトリプトファン（-3.4）。アミノ酸が同様の親水性指数を有しかつ依然として生物学的等価体を与え得る別のものに置換され得ることが理解される。このようなアミノ酸置換において、親水性指数が±2以内であることが好ましく、±1以内であることがより好ましく、および±0.5以内であることがさらに好ましい。

【0043】

本発明において、「保存的置換」とは、アミノ酸置換において、元のアミノ酸と置換されるアミノ酸との親水性指数または／および疎水性指数が上記のように類似している置換をいう。保存的置換の例は、当業者に周知であり、例えば、次の各グループ内での置換：アルギニンおよびリジン；グルタミン酸およびアスパラギン酸；セリンおよびスレオニン；グルタミンおよびアスパラギン；ならびにバリン、ロイシン、およびイソロイシン、などが挙げられるがこれらに限定されない。

【0044】

本明細書において、「改変体」とは、もとのポリペプチドまたはポリヌクレオチドなどの物質に対して、一部が変更されているものをいう。そのような改変体としては、置換改変体、付加改変体、欠失改変体、短縮（truncated）改変体、対立遺伝子変異体などが挙げられる。対立遺伝子（allele）とは、同一遺伝子座に属し、互いに区別される遺伝的改変体のことをいう。従って、「対立遺伝子変異体」とは、ある遺伝子に対して、対立遺伝子の関係にある改変体をいう。「種相同体またはホモログ（homolog）」とは、ある種の中で、ある遺伝子とアミノ酸レベルまたはヌクレオチドレベルで、

相同性（好ましくは、60%以上の相同性、より好ましくは、80%以上、85%以上、90%以上、95%以上の相同性）を有するものをいう。そのような種相同体を取得する方法は、本明細書の記載から明らかである。「オルソログ（ortholog）」とは、オルソログ遺伝子（orthologous gene）ともいい、二つの遺伝子がある共通祖先からの種分化に由来する遺伝子をいう。例えば、多重遺伝子構造をもつヘモグロビン遺伝子ファミリーを例にとると、ヒトとマウスの α ヘモグロビン遺伝子はオルソログであるが、ヒトの α ヘモグロビン遺伝子と β ヘモグロビン遺伝子はパラログ（遺伝子重複で生じた遺伝子）である。オルソログは、分子系統樹の推定に有用であることから、本発明のオルソログもまた、本発明において有用であり得る。

【0045】

「保存的（に改変された）改変体」は、アミノ酸配列および核酸配列の両方に適用される。特定の核酸配列に関して、保存的に改変された改変体とは、同一のまたは本質的に同一のアミノ酸配列をコードする核酸をいい、核酸がアミノ酸配列をコードしない場合には、本質的に同一な配列をいう。遺伝コードの縮重のため、多数の機能的に同一な核酸が任意の所定のタンパク質をコードする。例えば、コドンGCA、GCC、GCG、およびGCUはすべて、アミノ酸アラニンをコードする。したがって、アラニンがコドンにより特定される全ての位置で、そのコドンは、コードされたポリペプチドを変更することなく、記載された対応するコドンの任意のものに変更され得る。このような核酸の変動は、保存的に改変された変異の1つの種である「サイレント改変（変異）」である。ポリペプチドをコードする本明細書中のすべての核酸配列はまた、その核酸の可能なすべてのサイレント変異を記載する。当該分野において、核酸中の各コドン（通常メチオニンのための唯一のコドンであるAUG、および通常トリプトファンのための唯一のコドンであるTGGを除く）が、機能的に同一な分子を産生するために改変され得ることが理解される。したがって、ポリペプチドをコードする核酸の各サイレント変異は、記載された各配列において暗黙に含まれる。好ましくは、そのような改変は、ポリペプチドの高次構造に多大な影響を与えるアミノ酸であるシステインの置換を回避するようになされ得る。

【0046】

本明細書中において、機能的に等価なポリペプチドをコードする遺伝子を含むBACベクターを作製するために、アミノ酸の置換のほかに、アミノ酸の付加、欠失、または修飾もまた行うことができる。アミノ酸の置換とは、もとのペプチドを1つ以上、例えば、1～10個、好ましくは1～5個、より好ましくは1～3個のアミノ酸で置換することをいう。アミノ酸の付加とは、もとのペプチド鎖に1つ以上、例えば、1～10個、好ましくは1～5個、より好ましくは1～3個のアミノ酸を付加することをいう。アミノ酸の欠失とは、もとのペプチドから1つ以上、例えば、1～10個、好ましくは1～5個、より好ましくは1～3個のアミノ酸を欠失させることをいう。アミノ酸修飾は、アミド化、カルボキシル化、硫酸化、ハロゲン化、アルキル化、グリコシル化、リン酸化、水酸化、アシル化（例えば、アセチル化）などを含むが、これらに限定されない。置換、または付加されるアミノ酸は、天然のアミノ酸であってもよく、非天然のアミノ酸、またはアミノ酸アナログでもよい。天然のアミノ酸が好ましい。

【0047】

本明細書において使用されるポリペプチドの核酸形態は、そのポリペプチドのタンパク質形態を発現し得る核酸分子をいう。この核酸分子は、発現されるポリペプチドが天然型のポリペプチドと実質的に同一の活性を有する限り、上述のようにその核酸の配列の一部が欠失または他の塩基により置換されていてもよく、あるいは他の核酸配列が一部挿入されていてもよい。あるいは、5'末端および／または3'末端に他の核酸が結合していてもよい。また、ポリペプチドをコードする遺伝子をストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、そのポリペプチドと実質的に同一の機能を有するポリペプチドをコードする核酸分子でもよい。このような遺伝子は、当該分野において公知であり、本発明において利用することができる。

【0048】

このような核酸は、周知のPCR法により得ることができ、化学的に合成することもできる。これらの方法に、例えば、部位特異的変位誘発法、ハイブリダイゼーション法などを組み合わせてもよい。

【0049】

本明細書において、ポリペプチドまたはポリヌクレオチドの「置換、付加または欠失」とは、もとのポリペプチドまたはポリヌクレオチドに対して、それぞれアミノ酸もしくはその代替物、またはヌクレオチドもしくはその代替物が、置き換わること、付け加わることまたは取り除かれることをいう。このような置換、付加または欠失の技術は、当該分野において周知であり、そのような技術の例としては、部位特異的変異誘発技術などが挙げられる。置換、付加または欠失は、1つ以上であれば任意の数でよく、そのような数は、その置換、付加または欠失を有する改変体において目的とする機能が保持される限り、多くすることができる。例えば、そのような数は、1または数個であり得、そして好ましくは、全体の長さの20%以内、10%以内、または100個以下、50個以下、25個以下などであり得る。

【0050】

高分子構造（例えば、ポリペプチド構造）は種々のレベルの構成に関して記述され得る。この構成の一般的な議論については、例えば、Albertsら、*Molecular Biology of the Cell*（第3版、1994）、ならびに、CantorおよびSchimmel、*Biophysical Chemistry Part I: The Conformation of Biological Macromolecules*（1980）を参照。本発明において利用され得る一般的な分子生物学的手法としては、Ausubel F. A. ら編（1988）、*Current Protocols in Molecular Biology*、Wiley、New York、NY；Sambrook Jら（1987）*Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 2nd Ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NYなどを参酌して当業者であれば容易に実施をすることができる。

【0051】

本明細書において遺伝子について言及する場合、「ベクター」とは、目的のポリヌクレオチド配列を目的の細胞へと移入させることができるものをいう。そのようなベクターとしては、原核生物細胞、酵母、動物細胞、植物細胞、昆虫細胞、動物個体および植物個体等の宿主細胞において自律複製が可能であるか、または染色体中への組込みが可能で、本発明のポリヌクレオチドの転写に適した位置にプロモーターを含有しているものが例示される。

【0052】

「BACベクター」とは、大腸菌のFプラスミドをもとにして作製されたプラスミドで、約300 kb以上の巨大なサイズのDNA断片を大腸菌などの細菌内で安定に保持し増殖させることが可能なベクターである。BACベクターは、少なくともBACベクターの複製に必須の領域を含む。その複製に必須の領域としては、例えば、Fプラスミドの複製開始点であるori Sまたはその改変体が挙げられる。

【0053】

本明細書において「BACベクター配列」とは、BACベクターとしての機能に必須の配列を含む配列をいう。必要に応じて、BACベクター配列は、「組換えタンパク質依存性組換え配列」および／または「選択マーカー」をさらに含み得る。

【0054】

本明細書において核酸の「組換え」とは、用語「相同組換え」と互換可能に使用され、2つの異なる相同な核酸分子の会合によって開始し、乗り換えが起こり、核酸の新しい組み合わせが生じることをいう。本明細書において使用する場合、相同組換えには、「組換えタンパク質依存的組換え」および「組換えタンパク質非依存的組換え」の両方が含まれる。「組換えタンパク質依存的組換え」とは、組換えタンパク質存在下において生じるが

、組換えタンパク質非存在下では生じない、相同組換えをいう。「組換えタンパク質非依存的組換え」とは、組換えタンパク質の存在の有無に関わらずに生じる、相同組換えをいう。本明細書において「組換えタンパク質依存性組換え配列」とは、組換えタンパク質依存的組換えを生じる配列をいい、「組換えタンパク質非依存性組換え配列」とは、組換えタンパク質非依存的組換えを生じる配列をいう。組換えタンパク質依存性組換え配列は、組換えタンパク質存在下では、組換えを生じるが、組換えタンパク質非存在下では、組換えを生じない。組換えタンパク質は、好ましくは、組換えタンパク質依存性組換え配列に特異的に作用し、組換えタンパク質依存性組換え配列以外の配列には作用しない。

【0055】

代表的な組換えタンパク質依存性組換え配列と、組換えタンパク質との対としては、以下が挙げられるが、これらに限定されない：バクテリオファージP1由来のloxP (locus of crossover of P1) 配列とCre (cyclization recombination) タンパク質との組み合わせ、Flpタンパク質とFRT部位との組み合わせ、 ϕ C31とattB, attPとの組み合わせ (Thorpe, Helena M.; Wilson, Stuart E.; Smith, Margaret C. M., Control of directionality in the site-specific recombination system of the Streptomyces phage ϕ C31, Molecular Microbiology (2000), 38 (2), 232-241.)、リソルバーゼとres部位との組み合わせ (Sadowski P., Site-specific recombinases: changing partners and doing the twist. J. Bacteriol., 1986年2月; 165 (2) 341-7) (一般的には、Sauer B. Site-specific recombination: developments and applications., Curr Opin Biotechnol. 1994 Oct; 5 (5): 521-7. を参照のこと)。

【0056】

本明細書において使用する場合、「選択マーカー」とは、BACベクターを含む宿主細胞を選択する指標として機能する遺伝子をいう。選択マーカーとしては、蛍光マーカー、発光マーカー、および薬剤選択マーカーが挙げられるが、これらに限定されない。「蛍光マーカー」としては、グリーン蛍光タンパク質 (GFP) のような蛍光タンパク質をコードする遺伝子が挙げられるが、これらに限定されない。「発光マーカー」としては、ルシフェラーゼのような発光タンパク質をコードする遺伝子が挙げられるが、これらに限定されない。「薬剤選択マーカー」としては、以下からなる群から選択されるタンパク質をコードする遺伝子が挙げられるが、これらに限定されない：ジヒドロ葉酸還元酵素遺伝子、グルタミンシンセターゼ遺伝子、アスパラギン酸トランスアミナーゼ、メタロチオネイン (MT)、アデノシンデアミナーゼ (ADA)、アデノシンデアミナーゼ (AMPD1, 2)、キサンチン-グアニン-ホスホリボシルトランスフェラーゼ、UMPシンターゼ、P-グリコプロテイン、アスパラギンシンテターゼ、およびオルニチンデカルボキシラーゼ。これら薬剤選択マーカーと使用される薬剤との組み合わせは、例えば、以下のとおりである：ジヒドロ葉酸還元酵素遺伝子 (DHFR) とメソトレキセート (MTX) との組み合わせ、グルタミンシンセターゼ (GS) 遺伝子とメチオニンスルホキシミン (Msx) との組み合わせ、アスパラギン酸トランスアミナーゼ (CAD) 遺伝子とN-ホスホンアセチル-L-アスパラギン酸 (N-phosphonacetyl-L-aspartate) (PALA) との組み合わせ、MT遺伝子とカドミウム (Cd^{2+}) との組み合わせ、アデノシンデアミナーゼ (ADA) 遺伝子とアデノシン、アラノシン、2'-デオキシコホルマイシンとの組み合わせ、アデノシンデアミナーゼ (AMPD1, 2) 遺伝子とアデニン、アザセリン、コホルマイシンとの組み合わせ、キサンチン-グアニン-ホスホリボシルトランスフェラーゼ遺伝子と、マイコフェノール酸との組み合わせ、UMPシンターゼ遺伝子と6-アザウリジン、ピラゾフラン (pyrazofuran) との組み

合わせ、P-グリコプロテイン (P-gp, MDR) 遺伝子と多剤薬剤との組み合わせ、アスパラギンシンテターゼ (AS) 遺伝子と β -アスパルチルヒドロキサム酸またはアルビジン (albizzin) との組み合わせ、オルニチンデカルボキシラーゼ (ODC) 遺伝子と α -ジフルオロメチル-オルニチン (DFMO)。

【0057】

本明細書において使用する場合、「発現ベクター」は、構造遺伝子およびその発現を調節するプロモーターに加えて種々の調節エレメントが宿主の細胞中で作動し得る状態で連結されている核酸配列をいう。調節エレメントは、好ましくは、ターミネーター、薬剤耐性遺伝子 (例えば、カナマイシン耐性遺伝子、ハイグロマイシン耐性遺伝子など) のような選択マーカーおよび、エンハンサーを含み得る。生物 (例えば、植物) の発現ベクターのタイプおよび使用される調節エレメントの種類が、宿主細胞に応じて変わり得ることは、当業者に周知の事項である。植物の場合、本発明に用いる植物の発現ベクターはさらに T-DNA 領域を有し得る。T-DNA 領域は、特にアグロバクテリウムを用いてその植物を形質転換する場合に遺伝子の導入の効率を高める。

【0058】

本明細書において使用する場合、「組換えベクター」とは、目的のポリヌクレオチド配列を目的の細胞へと移入させることができるベクターをいう。そのようなベクターとしては、原核細胞、酵母、動物細胞、植物細胞、昆虫細胞、動物個体および植物個体等の宿主細胞において自立複製が可能、または染色体中への組込みが可能で、本発明のポリヌクレオチドの転写に適した位置にプロモーターを含有しているものが例示される。

【0059】

「ターミネーター」は、遺伝子のタンパク質をコードする領域の下流に位置し、DNA が mRNA に転写される際の転写の終結、ポリ A 配列の付加に関与する配列である。ターミネーターは、mRNA の安定性に関与して遺伝子の発現量に影響を及ぼすことが知られている。ターミネーターとしては、CaMV 35S ターミネーター、ノパリン合成酵素遺伝子のターミネーター (Tnos)、タバコ PR1a 遺伝子のターミネーターが挙げられるが、これに限定されない。

【0060】

本明細書において用いられる「プロモーター」とは、遺伝子の転写の開始部位を決定し、またその頻度を直接的に調節する DNA の ORF 内の領域をいい、RNA ポリメラーゼが結合して転写を始める塩基配列である。プロモーターの領域は、通常、推定タンパク質コード領域の第 1 エキシソンの上流約 2 kbp 以内の領域であることが多いので、DNA 解析用ソフトウエアを用いてゲノム塩基配列中のタンパク質コード領域を予測すれば、プロモーター領域を推定することはできる。推定プロモーター領域は、構造遺伝子ごとに変動するが、通常構造遺伝子上流にあるが、これらに限定されず、構造遺伝子の下流にもあり得る。好ましくは、推定プロモーター領域は、第一エキソン翻訳開始点から上流約 2 kbp 以内に存在する。

【0061】

本明細書において、本発明のプロモーターの発現が「構成的」であるとは、生物のすべての組織において、その生物の発生のいずれの段階にあってもほぼ一定の量で発現される性質をいう。具体的には、本明細書の実施例と同様の条件でノーザンブロット分析したとき、例えば、任意の時点で (例えば、2 点以上 (例えば、5 日目および 15 日目)) の同一または対応する部位のいずれにおいても、ほぼ同程度の発現量がみられるとき、本発明の定義上、発現が構成的であるという。構成的プロモーターは、通常の生育環境にある生物の恒常性維持に役割を果たしていると考えられる。これらの性質は、生物の任意の部分から RNA を抽出してノーザンブロット分析で発現量を分析することまたは発現されたタンパク質をウェスタンブロットにより定量することにより決定することができる。

【0062】

「エンハンサー」は、目的遺伝子の発現効率を高めるために用いられ得る。動物細胞において使用する場合、エンハンサーとしては、SV40 プロモーター内の上流側の配列を

含むエンハンサー領域が好ましい。エンハンサーは複数個用いられ得るが1個用いられてもよいし、用いなくともよい。

【0063】

本明細書において使用する場合、「作動可能に連結された(る)」とは、所望の配列の発現(作動)がある転写翻訳調節配列(例えば、プロモーター、エンハンサーなど)または翻訳調節配列の制御下に配置されることをいう。プロモーターが遺伝子に作動可能に連結されるためには、通常、その遺伝子のすぐ上流にプロモーターが配置されるが、必ずしも隣接して配置される必要はない。

【0064】

本発明において使用する場合、用語「形質転換」、「形質導入」および「トランスフェクション」は、特に言及しない限り互換可能に使用され、宿主細胞への核酸の導入を意味する。形質転換方法としては、宿主細胞にDNAを導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、エレクトロポレーション法、パーティクルガン(遺伝子銃)を用いる方法、リン酸カルシウム法などの種々の周知の技術が挙げられる。

【0065】

「形質転換体」とは、形質転換によって作製された細胞などの生命体の全部または一部をいう。形質転換体としては、原核細胞、酵母、動物細胞、植物細胞、昆虫細胞等が例示される。形質転換体は、その対象に依存して、形質転換細胞、形質転換組織、形質転換宿主などともいわれ、本明細書においてそれらの形態をすべて包含するが、特定の文脈において特定の形態を指し得る。

【0066】

原核細胞としては、エシェリヒア属、セラチア属、バチルス属、ブレヴィバクテリウム属、コリネバクテリウム属、ミクロバクテリウム属、シュードモナス属等に属する原核細胞、例えば、*Escherichia coli* XL1-Blue、*Escherichia coli* XL2-Blue、*Escherichia coli* DH1、*Escherichia coli* MC1000、*Escherichia coli* K Y3276、*Escherichia coli* W1485、*Escherichia coli* JM109、*Escherichia coli* HB101、*Escherichia coli* No. 49、*Escherichia coli* W3110、*Escherichia coli* NY49、*Escherichia coli* BL21(DE3)、*Escherichia coli* BL21(DE3) pLys S、*Escherichia coli* HMS174(DE3)、*Escherichia coli* HMS174(DE3) pLys S、*Serratia ficaria*、*Serratia fonticola*、*Serratia liquefaciens*、*Serratia marcescens*、*Bacillus subtilis*、*Bacillus amyloliquefaciens*、*Brevibacterium ammoniagenes*、*Brevibacterium immariophilum* ATCC14068、*Brevibacterium saccharolyticum* ATCC14066、*Corynebacterium glutamicum* ATCC13032、*Corynebacterium glutamicum* ATCC14067、*Corynebacterium glutamicum* ATCC13869、*Corynebacterium acetoacidophilum* ATCC13870、*Microbacterium ammoniaphilum* ATCC15354、*Pseudomonas* sp. D-0110などが例示される。

【0067】

動物細胞としては、ヒト・MRC-5細胞、ヒト・HEL細胞、ヒト・WI-38細胞、マウス・ミエローマ細胞、ラット・ミエローマ細胞、ヒト・ミエローマ細胞、マウス・ハイブリドーマ細胞、チャイニーズ・ハムスターの細胞であるCHO細胞、BHK細胞、アフリカミドリザル腎臓細胞、ヒト白血病細胞、HBT5637(特開昭63-299)、ヒト大腸癌細胞株などを挙げることができる。マウス・ミエローマ細胞としては、ps

20、NSOなど、ラット・ミエローマ細胞としてはYB2/0など、ヒト胎児腎臓細胞としてはHEK293(ATCC:CRL-1573)など、ヒト白血病細胞としてはBALL-1など、アフリカミドリザル腎臓細胞としてはCOS-1、COS-7、Ver o細胞、ヒト大腸癌細胞株としてはHCT-15などが例示される。

【0068】

本明細書において「動物」は、当該分野において最も広義で用いられ、脊椎動物および無脊椎動物を含む。動物としては、哺乳綱、鳥綱、爬虫綱、両生綱、魚綱、昆虫綱、蠕虫綱などが挙げられるがそれらに限定されない。

【0069】

本明細書において、生物の「組織」とは、細胞の集団であって、その集団において一定の同様の作用を有するものをいう。従って、組織は、臓器(器官)の一部であり得る。臓器(器官)内では、同じ働きを有する細胞を有することが多いが、微妙に異なる働きを有するものが混在することもあることから、本明細書において組織は、一定の特性を共有する限り、種々の細胞を混在して有していてもよい。

【0070】

本明細書において、「器官(臓器)」とは、1つ独立した形態をもち、1種以上の組織が組み合わさって特定の機能を営む構造体を形成したものをいう。植物では、カルス、根、茎、幹、葉、花、種子、胚芽、胚、果実などが挙げられるがそれらに限定されない。動物では、胃、肝臓、腸、脾臓、肺、気管、鼻、心臓、動脈、静脈、リンパ節(リンパ管系)、胸腺、卵巣、眼、耳、舌、皮膚等が挙げられるがそれらに限定されない。

【0071】

本明細書において、「トランスジェニック」とは、特定の遺伝子のある生物に組み込むことまたはそのような遺伝子が組み込まれた生物(例えば、植物または動物(マウスなど)を含む)をいう。

【0072】

本発明の生物が、動物の場合、トランスジェニック生物は、マイクロインジェクション法(微量注入法)、ウィルスベクター法、ES細胞法(胚性幹細胞法)、精子ベクター法、染色体断片を導入する方法(トランスゾミック法)、エピソード法などを利用したトランスジェニック動物の作製技術を使用して作製することができる。そのようなトランスジェニック動物の作成技術は当該分野において周知である。

【0073】

本明細書において使用される場合、「スクリーニング」とは、目的とするある特定の性質をもつ物質、あるいは宿主細胞またはウイルスなどを、特定の操作および/または評価方法で多数の候補から選抜することをいう。本発明では、所望の活性を有するスクリーニングによって得られたウイルスもまた、本発明の範囲内に包含されることが理解される。

【0074】

本明細書において「チップ」または「マイクロチップ」は、互換可能に用いられ、多様の機能をもち、システムの一部となる超小型集積回路をいう。チップとしては、例えば、DNAチップ、プロテインチップ、細胞チップなどが挙げられるがそれらに限定されない。

【0075】

本明細書において「アレイ」とは、1以上(例えば、1000以上)の標的物質を含む組成物(例えば、DNA、タンパク質、細胞)が整列されて配置されたパターンまたはパターンを有する基板(例えば、チップ)そのものをいう。アレイの中で、小さな基板(例えば、10×10mm上など)上にパターン化されているものはマイクロアレイというが、本明細書では、マイクロアレイとアレイとは互換可能に使用される。従って、上述の基板より大きなものにパターン化されたものでもマイクロアレイと呼ぶことがある。例えば、アレイはそれ自身固相表面または膜に固定されている所望の細胞のセットで構成される。アレイは好ましくは同一のまたは異なるウイルスを含む細胞を少なくとも 10^2 個、より好ましくは少なくとも 10^3 個、およびさらに好ましくは少なくとも 10^4 個、さらに

より好ましくは少なくとも 10^5 個を含む。これらの細胞は、好ましくは表面が 125×80 mm、より好ましくは 10×10 mm 上に配置される。形式としては、96 ウェルマイクロタイタープレート、384 ウェルマイクロタイタープレートなどのマイクロタイタープレートの大きさのものから、スライドガラス程度の大きさのものが企図される。固定される標的物質を含む組成物は、1 種類であっても複数種類であってもよい。そのような種類の数は、1 個～スポット数までの任意の数であり得る。例えば、約 10 種類、約 100 種類、約 500 種類、約 1000 種類の標的物質を含む組成物が固定され得る。

【0076】

基板のような固相表面または膜には、上述のように任意の数の標的物質（例えば、細胞のような生体分子）が配置され得るが、通常、基板 1 つあたり、 10^8 個の生体分子まで、他の実施形態において 10^7 個の生体分子まで、 10^6 個の生体分子まで、 10^5 個の生体分子まで、 10^4 個の生体分子まで、 10^3 個の生体分子まで、または 10^2 個の生体分子までの個の生体分子が配置され得るが、 10^8 個の生体分子を超える標的物質を含む組成物が配置されていてもよい。これらの場合において、基板の大きさはより小さいことが好ましい。特に、標的物質を含む組成物（例えば、細胞）のスポットの大きさは、単一の生体分子のサイズと同じ小さくあり得る（これは、 $1-2$ nm の桁であり得る）。最小限の基板の面積は、いくつかの場合において基板上の生体分子の数によって決定される。

【0077】

アレイ上には、生体分子の「スポット」が配置され得る。本明細書において「スポット」とは、標的物質を含む組成物の一定の集合をいう。本明細書において「スポットティング」とは、ある標的物質を含む組成物のスポットをある基板またはプレートに作製することをいう。スポットティングはどのような方法でも行うことができ、例えば、ピペッティングなどによって達成され得、あるいは自動装置で行うこともでき、そのような方法は当該分野において周知である。

【0078】

本明細書において使用される用語「アドレス」とは、基板上のユニークな位置をいい、他のユニークな位置から弁別可能であり得るものをいう。アドレスは、そのアドレスを伴うスポットとの関連づけに適切であり、そしてすべての各々のアドレスにおける存在物が他のアドレスにおける存在物から識別され得る（例えば、光学的）、任意の形状を採り得る。アドレスを定める形は、例えば、円状、楕円状、正方形、長方形であり得るか、または不規則な形であり得る。したがって、「アドレス」は、抽象的な概念を示し、「スポット」は具体的な概念を示すために使用され得るが、両者を区別する必要がない場合、本明細書においては、「アドレス」と「スポット」とは互換的に使用され得る。

【0079】

各々のアドレスを定めるサイズは、とりわけ、その基板の大きさ、特定の基板上のアドレスの数、標的物質を含む組成物の量および／または利用可能な試薬、微粒子のサイズおよびそのアレイが使用される任意の方法のために必要な解像度の程度に依存する。大きさは、例えば、 $1-2$ nm から数 cm の範囲であり得るが、そのアレイの適用に一致した任意の大きさが可能である。

【0080】

アドレスを定める空間配置および形状は、そのマイクロアレイが使用される特定の適用に適合するように設計される。アドレスは、密に配置され得、広汎に分散され得るか、または特定の型の分析物に適切な所望のパターンへとサブグループ化され得る。

【0081】

本明細書において使用される場合、「支持体」とは、細胞、細菌、ウイルス、ポリヌクレオチドまたはポリペプチドを担持することができる物質をいう。支持体の材料としては、共有結合かまたは非共有結合のいずれかで、本発明において使用される細胞などに結合する特性を有するかまたはそのような特性を有するように誘導体化され得る、任意の固体材料が挙げられる。

【0082】

支持体として使用するための材料には、固体表面を形成し得る任意の物質が使用され得るが、例えば、ガラス、シリカ、シリコン、セラミック、二酸化珪素、プラスチック、金属（合金も含まれる）、天然および合成のポリマー（例えば、ポリスチレン、セルロース、キトサン、デキストラン、およびナイロン）以下が挙げられるがそれらに限定されない。好ましくは、支持体は、疎水性結合を行う部分を含む。支持体は、複数の異なる材料の層から形成されていてもよい。例えば、ガラス、石英ガラス、アルミナ、サファイア、フォスファイト、炭化珪素、酸化珪素、窒化珪素などの無機材料を使用できる。また、ポリエチレン、エチレン、ポリプロピレン、ポリイソブチレン、ポリエチレンテレフタレート、不飽和ポリエステル、含フッ素樹脂、ポリ塩化ビニル、ポリ塩化ビニリデン、ポリ酢酸ビニル、ポリビニルアルコール、ポリビニルアセタール、アクリル樹脂、ポリアクリロニトリル、ポリスチレン、アセタール樹脂、ポリカーボネート、ポリアミド、フェノール樹脂、尿素樹脂、エポキシ樹脂、メラミン樹脂、スチレン・アクリロニトリル共重合体、アクリロニトリルブタジエンスチレン共重合体、シリコーン樹脂、ポリフェニレンオキサイド、ポリスルホン等の有機材料を用いることができる。あるいは、支持体として、ニトロセルロース膜、PVD膜など、プロッティングに使用される膜を用いることもできる。

【0083】

本発明の水痘帯状疱疹ウイルスは、感染症の処置、予防、および／または治療のための薬学的組成物の成分としても使用することが可能である。

【0084】

本明細書において薬剤の「有効量」とは、その薬剤が目的とする薬効が発揮することができる量をいう。本明細書において、そのような有効量のうち、最小の濃度を最小有効量ということがある。そのような最小有効量は、当該分野において周知であり、通常、薬剤の最小有効量は当業者によって決定されているか、または当業者は適宜決定することができる。そのような有効量の決定には、実際の投与のほか、動物モデルなどを用いることも可能である。本発明はまた、このような有効量を決定する際に有用である。

【0085】

本明細書において「薬学的に受容可能なキャリア」は、医薬または動物薬のような農薬を製造するときに使用される物質であり、有効成分に有害な影響を与えないものをいう。そのような薬学的に受容可能なキャリアとしては、例えば、以下が挙げられるがそれらに限定されない：抗酸化剤、保存剤、着色料、風味料、および希釈剤、乳化剤、懸濁化剤、溶媒、フィラー、増量剤、緩衝剤、送達ビヒクル、賦形剤および／または農学的もしくは薬学的アジュバント。

【0086】

本発明の処置方法において使用される薬剤の種類および量は、本発明の方法によって得られた情報（例えば、疾患に関する情報）を元に、使用目的、対象疾患（種類、重篤度など）、患者の年齢、体重、性別、既往歴、投与される被検体の部位の形態または種類などを考慮して、当業者が容易に決定することができる。本発明のモニタリング方法を被検体（または患者）に対して施す頻度もまた、使用目的、対象疾患（種類、重篤度など）、患者の年齢、体重、性別、既往歴、および治療経過などを考慮して、当業者が容易に決定することができる。疾患状態をモニタリングする頻度としては、例えば、毎日数ヶ月に1回（例えば、1週間に1回－1ヶ月に1回）のモニタリングが挙げられる。1週間－1ヶ月に1回のモニタリングを、経過を見ながら施すことが好ましい。

【0087】

本明細書において「指示書」は、本発明の治療方法などを医師、患者など投与を行う人に対して記載したものである。この指示書は、本発明の医薬などを例えば、放射線治療直後または直前（例えば、24時間以内など）に投与することを指示する文言が記載されている。この指示書は、本発明が実施される国の監督官庁（例えば、日本であれば厚生労働省、米国であれば食品医薬品局（FDA）など）が規定した様式に従って作成され、その

監督官庁により承認を受けた旨が明記される。指示書は、いわゆる添付文書 (package insert) であり、通常は紙媒体で提供されるが、それに限定されず、例えば、電子媒体 (例えば、インターネットで提供されるホームページ、電子メール) のような形態でも提供され得る。

【0088】

必要に応じて、本発明の治療では、2種類以上の薬剤が使用され得る。2種類以上の薬剤を使用する場合、類似の性質または由来の物質を使用してもよく、異なる性質または由来の薬剤を使用してもよい。このような2種類以上の薬剤を投与する方法のための疾患レベルに関する情報も、本発明の方法によって入手することができる。

【0089】

本発明では、いったん類似の種類 (例えば、ヒトに対するマウスなど) の生物、培養細胞、組織などに関し、ある特定の糖鎖構造の分析結果と、疾患レベルとが相関付けられた場合、対応する糖鎖構造の分析結果と、疾患レベルとが相関付けることができることは、当業者は容易に理解する。そのような事項は、例えば、動物培養細胞マニュアル、瀬野ら編著、共立出版、1993年などに記載され支持されており、本明細書においてこのすべての記載を援用する。

【0090】

(本明細書において用いられる一般的技術)

本明細書において使用される技術は、そうではないと具体的に指示しない限り、当該分野の技術範囲内にある、糖鎖科学、マイクロフルイディクス、微細加工、有機化学、生化学、遺伝子工学、分子生物学、微生物学、遺伝学および関連する分野における周知慣用技術を使用する。そのような技術は、例えば、以下に列挙した文献および本明細書において他の場所において引用した文献においても十分に説明されている。

【0091】

微細加工については、例えば、Campbell, S. A. (1996). The Science and Engineering of Microelectronic Fabrication, Oxford University Press; Zaut, P. V. (1996). Micromicroarray Fabrication: a Practical Guide to Semiconductor Processing, Semiconductor Services; Madou, M. J. (1997). Fundamentals of Microfabrication, CRC Press; Rai-Choudhury, P. (1997). Handbook of Microlithography, Micromachining, & Microfabrication: Microlithographyなどに記載されており、これらは本明細書において関連する部分が参考として援用される。

【0092】

本明細書において用いられる分子生物学的手法、生化学的手法、微生物学的手法、糖鎖科学的手法は、当該分野において周知であり慣用されるものであり、例えば、Maniatis, T. et al. (1989). Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harborおよびその3rd Ed. (2001); Ausubel, F. M., et al. eds, Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons Inc., NY, 10158 (2000); Innis, M. A. (1990). PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications, Academic Press; Innis, M. A. et al. (1995). PCR Strategies, Academic Press; Sninsky, J. J. et al. (1999). PCR Applications: Protocols for Functional Genomics, Academic Press; Gait, M. J. (1985). Oligonucleotide Synthesis: A Practical Approach

ach, IRL Press; Gait, M. J. (1990). Oligonucleotide Synthesis: A Practical Approach, IRL Press; Eckstein, F. (1991). Oligonucleotides and Analogues: A Practical Approach, IRL Press; Adams, R. L. et al. (1992). The Biochemistry of the Nucleic Acids, Chapman & Hall; Shabarova, Z. et al. (1994). Advanced Organic Chemistry of Nucleic Acids, Weinheim; Blackburn, G. M. et al. (1996). Nucleic Acid in Chemistry and Biology, Oxford University Press; Hermanson, G. T. (1996). Bioconjugate Techniques, Academic Press; Method in Enzymology 230, 242, 247, Academic Press, 1994; 別冊実験医学「遺伝子導入&発現解析実験法」羊土社、1997などに記載されており、これらは本明細書において関連する部分（全部であり得る）が参考として援用される。

【0093】

(好ましい実施形態の説明)

以下に好ましい実施形態の説明を記載するが、この実施形態は本発明の例示であり、本発明の範囲はそのような好ましい実施形態に限定されないことが理解されるべきである。当業者はまた、以下のような好ましい実施例を参考にして、本発明の範囲内にある改変、変更などを容易に行うことができることが理解されるべきである。

【0094】

1つの局面において、本発明は、組換え水痘带状疱疹ウイルスを提供する。好ましくは、この水痘带状疱疹ウイルスは、そのゲノム配列中にBACベクター配列を含む。BACベクター配列を含む水痘带状疱疹ウイルスゲノムを構築することによって、BAC分子として細菌内において水痘带状疱疹ウイルスゲノムを取り扱うことが可能となる。使用されるBACベクター配列は、好ましくは、Fプラスミド由来の複製開始点を含むが、Fプラスミド由来の複製開始点以外の配列であってもよく、300kb以上の配列を細菌人工染色体として細菌細胞内において保持および増殖が可能である限り、任意の複製開始点を利用することができる。本発明のBACベクターは、細菌宿主細胞、好ましくは、大腸菌細胞において保持、および／または増幅することが可能である。好ましくは、このBACベクターの一部は、水痘带状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内に挿入され、水痘带状疱疹ウイルスゲノムを含むBACとして操作が可能になる。この水痘带状疱疹ウイルスゲノムを含むBACは、哺乳動物細胞に導入された場合、組換え水痘带状疱疹ウイルスを産生、増殖することが可能である。組換え水痘带状疱疹ウイルスの宿主細胞としては、野生型水痘带状疱疹ウイルス株が増殖し得る任意の哺乳動物細胞を使用することができる。好ましくは、この宿主細胞は、ヒト由来であり、限定されることはないが、例えば、ヒト・MRC-5細胞、ヒト・HEL細胞、ヒト・WI-38細胞である。

【0095】

(水痘带状疱疹ウイルスゲノムを含むBACベクターの作製方法)

水痘带状疱疹ウイルスゲノムと、BACベクターを用いて、水痘带状疱疹ウイルスゲノムを含むBACベクターを作製するためには、相同組換えを用いる方法など、種々の周知の方法を使用することが可能である。

【0096】

相同組換えを用いる方法としては、水痘带状疱疹ウイルスゲノムと相同な配列を連結した環状BACベクター配列を有する核酸を用いる方法が挙げられる。

【0097】

水痘带状疱疹ウイルスゲノムと相同な配列を連結した環状BACベクター配列を有する核酸を用いる、水痘带状疱疹ウイルスゲノムを含むBACベクターの作製方法は、代表的

には、(1) その核酸を、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムとともに、宿主内(例えば、ヒト株化細胞内)に導入し、(2) 宿主細胞を培養して、環状BACベクター配列に連結された相同配列と、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム配列との間で相同組換えを起こし、(3) この相同組換えによって生じた、BACベクター配列を組み込んだ水痘帯状疱疹ウイルスゲノム配列を含む宿主細胞を選択し、(4) その宿主細胞を培養して、環状ウイルスDNAを抽出する、という工程を包含する。

【0098】

また、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと、BAC配列を用いて、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムを含むBACを作製するためには、相同組換えを用いることなく、核酸の制限酵素断片を用いるなどの、種々の周知の方法を使用することも可能である。

【0099】

水痘帯状疱疹ウイルスゲノム内において、BACベクター配列を導入するための非必須領域は、以下の領域からなる群から選択される：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

【0100】

好ましくは、この非必須領域は、遺伝子11のORFに隣接する領域または遺伝子12のORFに隣接する領域である。なぜなら、遺伝子11と遺伝子12は、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム上で連続する非必須遺伝子であるため、相同組換えのための核酸を設計し易いからである。あるいは、BACベクター配列の一部は、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子62のORF内の領域に挿入されていてもよい。

【0101】

本発明において使用されるBACベクター配列は、好ましくは、組換えタンパク質依存性組換え配列、および／または選択マーカーを含む。好ましくは、選択マーカー配列は薬剤選択マーカー、および／またはグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である。なぜなら、簡便に所望の遺伝子の存在を確認できるからである。

【0102】

本発明において出発物質として使用される水痘带状疱疹ウイルスは、野生株由来であっても、変異株由来であってもよい。好ましくは、出発物質としての水痘带状疱疹ウイルスは、弱毒化されたウイルス、例えば、O k a ワクチン株または遺伝子 6 2 に変異を有する水痘带状疱疹ウイルスを用いる。弱毒化した水痘带状疱疹ウイルスとしては、以下からなる群から選択される遺伝子 6 2 の変異の 1 つ、または 2 つ以上の変異の組み合わせを有するウイルスが挙げられる：

- (a) 2 1 1 0 番塩基が G ；
- (b) 3 1 0 0 番塩基が G ；
- (c) 3 8 1 8 番塩基が C ；
- (d) 4 0 0 6 番塩基が G ；
- (e) 1 2 5 1 番塩基が G ；
- (f) 2 2 2 6 番塩基が G ；
- (g) 3 6 5 7 番塩基が G ；
- (h) 1 6 2 番塩基が C ；
- (i) 2 2 5 番塩基が C ；
- (j) 5 2 3 番塩基が C ；
- (k) 1 5 6 5 番塩基が C ；
- (l) 1 7 6 3 番塩基が C ；
- (m) 2 6 5 2 番塩基が C ；
- (n) 4 0 5 2 番塩基が C ；および
- (o) 4 1 9 3 番塩基が C 。

【0 1 0 3】

本発明のさらなる局面において、上記ウイルスを製造するために使用されるベクター、および上記ウイルスの製造方法もまた提供される。本発明の別の局面において、上記ウイルスを含む薬学的組成物、およびワクチンの形態である薬学的組成物が提供される。

【0 1 0 4】

本明細書の組換え水痘带状疱疹ウイルスは、ワクチンとして有用である。なぜなら、野生型ウイルスと同様の構造を有するタンパク質を多数含むからである。

【0 1 0 5】

本発明のさらなる局面において、本発明のワクチンを産生するためのベクターに変異を導入する方法が提供される。この方法は、以下の工程：該ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程；水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメントを含むプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該フラグメントは少なくとも 1 つの変異を有する、工程；該細菌宿主細胞を培養する工程；該培養した細菌宿主細胞から、B A C ベクター配列を有するベクターを単離する工程、を包含する。上記方法においては、細菌宿主細胞内において、本発明のワクチンを産生するためのベクターと水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメントを含むプラスミドベクターとの間で相同組換えが起こり、その結果、本発明のワクチンを産生するためのベクターが、水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメント上の変異を有する。

【0 1 0 6】

上記の方法において、ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程としては、エレクトロポレーションなどの種々の周知の方法を使用することが可能である。同様にして、水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメントを含むプラスミドベクターを細菌宿主細胞に導入することができる。また、このフラグメントに変異を導入する方法としては、P C R を用いる変異導入方法が周知であり、例えば、プルーフリーディング機能を有さない耐熱性ポリメラーゼを 4 つのヌクレオチドの 1 つが少ない条件で用いることによって、ランダムに変異を導入することが可能である。また、変異塩基配列を有するプライマーを用いて P C R を行うことによって、所望の位置に所望の変異を導入することも可能である。この細菌細胞を培養することによって、本発明のワクチンを産生するためのベクターと水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメントを含むプラスミドベクターとの

間で相同組換えが起こり、その結果、本発明のワクチンを産生するためのベクターが、水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメント上の変異を有する。細菌宿主細胞から BAC ベクター配列を調製するためには、アルカリ法のような種々の周知の方法および市販のキットを使用することが可能である。

【0107】

本発明の別の局面において、本発明のワクチンを産生するためのベクターに変異を導入するさらなる方法が提供される。この方法は、以下の工程：該ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程；水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなる第1のフラグメントを含む第1のプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該第1のフラグメントは少なくとも1つの変異を有する、工程；水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなる第2のフラグメントを含む第2のプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該第2のフラグメントは少なくとも1つの変異を有し、そして該第2のフラグメントは該第1のフラグメントとは異なる、工程；該細菌宿主細胞を培養する工程；該培養した細菌宿主細胞から、BAC ベクター配列を有するベクターを単離する工程、を包含する。

【0108】

本発明の一つの局面において、本発明のワクチンを製造するために使用され得る核酸カセットが提供される。この核酸カセットは、好ましくは、細菌細胞内において水痘带状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得る第1のフラグメント、BAC ベクター配列、および細菌細胞内において水痘带状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得る第2のフラグメントを含む核酸カセットであって、ここで、該BAC配列の両端の各々がそれぞれ第1のフラグメントおよび第2のフラグメントと連結している。ここで、第1のフラグメントおよび第2のフラグメントは、好ましくは、少なくとも1 kb、少なくとも1.5 kb、少なくとも2 kbである。この第1のフラグメントおよび第2のフラグメントは、水痘带状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、好ましくは、少なくとも80%同一、少なくとも85%同一、少なくとも90%同一、少なくとも95%同一である。

【0109】

好ましくは、この第1および第2のフラグメントが、各々独立して水痘带状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域由来であるか、以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも80%、85%、90%、95%同一である：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子62のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子

57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子62のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

【0110】

好ましくは、この第1および第2のフラグメントは、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの異なる領域に由来する。この第1および第2のフラグメントは、各々独立して、遺伝子11のORFに隣接する領域または遺伝子12のORFに隣接する領域由来であってもよい。好ましくは、相同組換えを制御し、そして所望の遺伝子を簡便に検出するために、BACベクター配列は組換えタンパク質依存性組換え配列、および／または選択マーカーを含む。この選択マーカーは薬剤選択マーカーであっても、グリーン蛍光タンパク質のような蛍光タンパク質をコードする遺伝子であってもよい。代表的には、このBACベクター配列は、配列番号2に記載の核酸配列を有し、核酸カセットは、配列番号2に記載の核酸配列を有する。

【0111】

(変異型組換え水痘帯状疱疹ウイルスの調製)

本発明の方法を用いて、変異導入した水痘帯状疱疹ウイルスゲノムを有する変異型水痘帯状疱疹ウイルスを、簡便に調製することが可能である。

【0112】

そのような変異導入は、例えば、以下の方法を用いて行うことができる：大腸菌内に、(a) VZV-BAC-DNAプラスミド、および(b) 変異核酸として、任意の変異を有する水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの部分配列を持つシャトルベクターまたはPCR産物、を導入する。VZV-BAC-DNAプラスミドと、その変異核酸との間で組換えを起こすことによって、VZV-BAC-DNAプラスミドに変異を導入することができる。また、トランスポゾンを用いることによって、ランダムに変異を導入することが可能である。そして変異が導入されたVZV-BAC-DNAプラスミドは、大腸菌内で容易に選択および増幅させることができる。そして、変異を持つVZV-BAC-DNAからウイルスを産出させることによって、組換え水痘帯状疱疹ウイルスを得ることができる(Markus Wagner, TRENDS in Microbiology, Vol. 10, No. 7, 2002年7月)。その具体例を以下に列挙する：

(1) 変異核酸として、変異水痘帯状疱疹ウイルス遺伝子を含む温度感受性シャトルベクターを用いる場合；

第1に、シャトルベクターとVZV-BAC-DNAプラスミドを、第1の相同的領域を介して、組換えさせ、シャトルベクターとVZV-BAC-DNAプラスミドとが連結した、共挿入体を生じる。次に、シャトルベクターの複製オリジンが温度感受性であることから、シャトルプラスミドが除かれる。第2の組換え事象において、共挿入された部分を取り除かれる。第2の組換え事象が、第1の相同的領域を介して生じる場合、組換えに使用したVZV-BAC-DNAと同一の配列を有するプラスミドが生成される。これに対して、第2の組換え事象が、第1の相同領域とは異なる第2の相同領域を介して生じる場合、シャトルベクター上の変異を有する変異型VZV-BAC-DNAプラスミドが得られる。第1の相同領域と、第2の相同領域とがほぼ同じ長さである場合、第2の組換え事象が第2の相同領域で起こる確率は、第2の組換え事象が第1の相同領域で起こる確率とほぼ同じである。そのため、得られるVZV-BAC-DNAプラスミドの、約2分の1が組換えに用いた配列と同一の配列を有するプラスミドであり、約2分の1がシャトルベクターに導入した変異を有するプラスミドである。

(2) 直鎖状DNAフラグメントを用いる場合；

この方法では、例えば、プロファージRac由来のrecETの組換え機能を用いるか、またはバクテリオファージλ由来のred $\alpha\beta$ の組換え機能を利用し、直鎖状DNAフ

ラグメントを用いて、環状 VZV-BAC-DNA 分子に変異を導入する。具体的には、標的配列に隣接する選択マーカーおよび相同配列を含む直鎖状 DNA フラグメントを、VZV-BAC-DNA とともに、相同組換えを生じ得る大腸菌に導入する。大腸菌内での直鎖状 DNA の分解を避けるために、エクソヌクレアーゼ欠損の大腸菌を使用するか、またはバクテリオファージ由来のエクソヌクレアーゼ阻害剤である $red\gamma$ (gam) を発現させることが好ましい。直鎖状 DNA は、その両端に VZV-BAC-DNA プラスミドと相同な領域を有する。その相同な領域を介して相同組換えを生じることによって、直鎖状 DNA フラグメント内の所望の配列を VZV-BAC-DNA 内に導入することができる。 $recET$ 、または $red\alpha\beta$ 組換え機能を使用する場合、これらの組換え機能は、25～50 ヌクレオチド程度の長さの相同配列によって相同組換えを生じることから、 $recA$ 媒介性相同組換えよりも、簡便に使用することができる。

(3) トランスポゾンを用いる場合;

トランスポゾンエレメントが大腸菌内の核酸にランダムに挿入する機能を用いる。例えば、トランスポゾンエレメントと VZV-BAC-DNA を大腸菌に導入し、VZV-BAC-DNA 内にランダムにトランスポゾンエレメントを挿入することによって、挿入変異を生じる。

【0113】

さらに、例えば、VZV-BAC-DNA のような組換え水痘帯状疱疹ウイルスを有する宿主細胞自体を、変異剤 (例えば、ニトロソグアニジン) によって処置をすることによって、組換え水痘帯状疱疹ウイルスゲノム内にランダムな変異を導入することも可能である。

【0114】

(処方)

本発明はまた、有効量の治療剤・予防剤の被験体への投与・接種による、疾患または障害 (例えば、感染症) の処置および/または予防の方法を提供する。治療剤・予防剤は、薬学的に受容可能なキャリア型 (例えば、滅菌キャリア) と組み合わせた、本発明の組成物を意味する。

【0115】

治療剤・予防剤を、個々の患者の臨床状態 (特に、治療剤・予防剤単独処置の副作用)、送達部位、投与方法、投与計画および当業者に公知の他の因子を考慮に入れ、医療実施基準 (GMP = good medical practice) を遵守する方式で処方および投薬する。従って、本明細書において目的とする「有効量」は、このような考慮を行って決定される。

【0116】

一般的提案として、用量当り、非経口的に投与される治療剤・予防剤の合計薬学的有効量は、患者体重の、約 $1\mu\text{g}/\text{kg}/\text{日}$ ～ $10\text{mg}/\text{kg}/\text{日}$ の範囲にあるが、上記のようにこれは治療的裁量に委ねられる。さらに好ましくは、本発明の細胞生理活性物質について、この用量は、少なくとも $0.01\text{mg}/\text{kg}/\text{日}$ 、最も好ましくはヒトに対して約 $0.01\text{mg}/\text{kg}/\text{日}$ と約 $1\text{mg}/\text{kg}/\text{日}$ との間である。連続投与する場合、代表的には、治療剤・予防剤を約 $1\mu\text{g}/\text{kg}/\text{時間}$ ～ 約 $50\mu\text{g}/\text{kg}/\text{時間}$ の投薬速度で 1 日に 1～4 回の注射かまたは連続皮下注入 (例えばミニポンプを用いる) のいずれかにより投与する。静脈内用バッグ溶液もまた使用し得る。変化を観察するために必要な処置期間および応答が生じる処置後の間隔は、所望の効果に応じて変化するようである。

【0117】

治療剤・予防剤を、経口的、直腸内、非経口的、槽内 (intracisternally)、膈内、腹腔内、局所的 (粉剤、軟膏、ゲル、点滴剤、または経皮パッチによるなど)、口内あるいは経口または鼻腔スプレーとして投与し得る。「薬学的に受容可能なキャリア」とは、非毒性の固体、半固体または液体の充填剤、希釈剤、被包材または任意の型の処方補助剤をいう。本明細書で用いる用語「非経口的」とは、静脈内、筋肉内、腹腔内、胸骨内、皮下および関節内の注射および注入を含む投与の様式をいう。

【0118】

本発明の治療剤・予防剤はまた、徐放性システムにより適切に投与される。徐放性治療剤・予防剤の適切な例は、経口的、直腸内、非経口的、槽内 (intracistemally)、腔内、腹腔内、局所的 (粉剤、軟膏、ゲル、点滴剤、または経皮パッチによるなど)、口内あるいは経口または鼻腔スプレーとして投与され得る。「薬学的に受容可能なキャリア」とは、非毒性の固体、半固体または液体の充填剤、希釈剤、被包材または任意の型の処方補助剤をいう。本明細書で用いる用語「非経口的」とは、静脈内、筋肉内、腹腔内、胸骨内、皮下および関節内の注射および注入を含む投与の様式をいう。

【0119】

非経口投与のために、1つの実施態様において、一般に、治療剤・予防剤は、それを所望の程度の純度で、薬学的に受容可能なキャリア、すなわち用いる投薬量および濃度でレシピエントに対して毒性がなく、かつ処方物の他の成分と適合するものと、単位投薬量の注射可能な形態 (溶液、懸濁液または乳濁液) で混合することにより処方される。例えば、この処方物は、好ましくは、酸化、および治療剤・予防剤に対して有害であることが知られている他の化合物を含まない。

【0120】

一般に、治療剤・予防剤を液体キャリアまたは微細分割固体キャリアあるいはその両方と均一および緊密に接触させて処方物を調製する。次に、必要であれば、生成物を所望の処方物に成形する。好ましくは、キャリアは、非経口的キャリア、より好ましくはレシピエントの血液と等張である溶液である。このようなキャリアビヒクルの例としては、水、生理食塩水、リンゲル溶液およびデキストロス溶液が挙げられる。不揮発性油およびオレイン酸エチルのような非水性ビヒクルもまた、リポソームと同様に本明細書において有用である。

【0121】

キャリアは、等張性および化学安定性を高める物質のような微量の添加剤を適切に含有する。このような物質は、用いる投薬量および濃度でレシピエントに対して毒性がなく、このような物質としては、リン酸塩、クエン酸塩、コハク酸塩、酢酸および他の有機酸またはその塩類のような緩衝剤；アスコルビン酸のような抗酸化剤；低分子量 (約10残基より少ない) ポリペプチド (例えば、ポリアルギニンまたはトリペプチド)；血清アルブミン、ゼラチンまたは免疫グロブリンのようなタンパク質；ポリビニルピロリドンのような親水性ポリマー；グリシン、グルタミン酸、アスパラギン酸またはアルギニンのようなアミノ酸；セルロースまたはその誘導体、ブドウ糖、マンノースまたはデキストリンを含む、単糖類、二糖類、および他の炭水化物；EDTAのようなキレート剤；マンニトールまたはソルビトールのような糖アルコール；ナトリウムのような対イオン；および/またはポリソルベート、ポロキサマーもしくはPEGのような非イオン性界面活性剤が挙げられる。

【0122】

治療的投与に用いられるべき任意の薬剤は、有効成分としてのウイルス以外の生物・ウイルスを含まない状態、すなわち、無菌状態であり得る。滅菌濾過膜 (例えば0.2ミクロンメンブレン) で濾過することにより無菌状態は容易に達成される。一般に、治療剤・予防剤は、滅菌アクセスポートを有する容器、例えば、皮下用注射針で穿刺可能なストッパー付の静脈内用溶液バッグまたはバイアルに配置される。

【0123】

治療剤・予防剤は、通常、単位用量または複数用量容器、例えば、密封アンプルまたはバイアルに、水溶液または再構成するための凍結乾燥処方物として貯蔵される。凍結乾燥処方物の例として、10mlのバイアルに、滅菌濾過した1% (w/v) 治療剤・予防剤水溶液5mlを充填し、そして得られる混合物を凍結乾燥する。凍結乾燥した治療剤・予防剤を、注射用静菌水を用いて再構成して注入溶液を調製する。

【0124】

本発明はまた、本発明の治療剤・予防剤の1つ以上の成分を満たした一つ以上の容器を

備える薬学的パックまたはキットを提供する。医薬品または生物学的製品の製造、使用または販売を規制する政府機関が定めた形式の通知が、このような容器に付属し得、この通知は、ヒトへの投与に対する製造、使用または販売に関する政府機関による承認を表す。さらに、治療剤・予防剤を他の治療用化合物と組み合わせて使用し得る。

【0125】

本発明の治療剤・予防剤は、単独または他の治療剤・予防剤と組合わせて投与され得る。本発明の治療剤・予防剤と組合わせて投与され得る治療剤・予防剤としては、化学療法剤、抗生物質、ステロイドおよび非ステロイドの抗炎症剤、従来の免疫治療剤・予防剤、他のサイトカインおよび／または増殖因子が挙げられるが、これらに限定されない。組合わせは、例えば、混合物として同時に；同時にまたは並行してだが別々に；あるいは経時的のいずれかで投与され得る。これは、組み合わされた薬剤が、治療用混合物として共に投与されるという提示、およびまた、組み合わされた薬剤が、別々にしかし同時に、例えば、同じ個体に別々の静脈ラインを通じて投与される手順を含む。「組み合わせて」の投与は、一番目、続いて二番目に与えられる化合物または薬剤のうち1つの別々の投与をさらに含む。

【0126】

特定の実施態様において、本発明の治療剤・予防剤は、抗レトロウイルス薬剤、ヌクレオシド逆転写酵素インヒビター、非ヌクレオシド逆転写酵素インヒビター、および／またはプロテアーゼインヒビターとの組み合わせで投与される。

【0127】

さらなる実施態様において、本発明の治療剤・予防剤は、抗生物質と組合わせて投与される。使用され得る抗生物質としては、アミノグリコシド系抗生物質、ポリエン系抗生物質、ペニシリン系抗生物質、セフェム系抗生物質、ペプチド系抗生物質、マクロライド系抗生物質、テトラサイクリン系抗生物質が挙げられるが、これらに限定されない。

【0128】

さらなる実施態様において、本発明の治療剤・予防剤は、単独または抗炎症剤と組合わせて投与される。本発明の治療剤・予防剤とともに投与され得る抗炎症剤としては、グルココルチコイドおよび非ステロイド抗炎症剤、アミノアリールカルボン酸誘導体、アリール酢酸誘導体、アリール酪酸誘導体、アリールカルボン酸、アリールプロピオン酸誘導体、ピラゾール、ピラズロン、サリチル酸誘導体、チアジンカルボキサミド、 α -アセトアミドカプロン酸、 S -アデノシルメチオニン、3-アミノ-4-ヒドロキシ酪酸、アミキセトリン (amixetrine)、ベンダザック、ベンジドアミン、ブコローム、ジフェンピラミド、ジタゾール、エモル ファゾン、グアイアズレン、ナブメトン、ニメスリド、オルゴテイン、オキサセプロール、パラニリン、ペリゾキサル、ピフオキシム、プロキアゾン、プロキサゾール、およびテニダップが挙げられるが、これらに限定されない。

【0129】

さらなる実施形態において、本発明の治療剤・予防剤は、他の治療レジメまたは予防レジメ（例えば、放射線治療）と組合わせて投与される。

【0130】

以下に実施例等により本発明を詳しく説明するが、本発明はこれらに限定されるものではない。

【実施例1】

【0131】

(組換え水痘带状疱疹ウイルスの調製)

(1: BACプラスミドの調製)

プラスミド PHA-2 は、Markus Wagner および Ulrich H. Koszinski (Adler ら、(2000)、J. Virol 74:6964-74) より分与されたものを使用した。組換えウイルスを作製するために、BACベクターの挿入箇所として、水痘带状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子 11 ORF と遺伝子 12 ORF の間の領域を選択した。なぜなら、このような非必須領域への外来核酸の挿入は、水

痘帯状疱疹ウイルスの増殖に悪影響を与えないと予想されたからである。

【 0 1 3 2 】

水痘帯状疱疹ウイルス Ok a 株の遺伝子 1 1 O R F と遺伝子 1 2 O R F の断片を、水痘帯状疱疹ウイルス Ok a 親株ゲノム DNA を鋳型として、それぞれ、プライマー V Z 1 1 F（配列番号 1）および V Z 1 1 R（配列番号 2）、ならびにプライマー V Z 1 2 F（配列番号 3）および V Z 1 2 R（配列番号 4）を用いて増幅した。

【 0 1 3 3 】

（ 2：組換えプラスミドの作製のために使用されるプライマーの調製）

【 0 1 3 4 】

【表 1】

組換えプラスミドを生成するために使用したプライマー

プライマー	配列	産物 (塩基対) およびプラスミド
VZ11F	5'- <i>TATA</i> <u>ACTAGT GCGGCCGC</u> TTACGAAAACGTGCATG-3' <i>Spe</i> I <i>Not</i> I	VZ ORF11(2652) SK/VZ11-12
VZ11R	5'-CGCG <u>ACCTGGT</u> TTTATTTTACAAACTCCITTGTGG-3' <i>Ser</i> AI	
VZ12F	5'-GCGC <u>ACCAGGT</u> CTCGTTTAGACCTTAAAAATTG-3' <i>Ser</i> AI	VZ ORF12(2164) SK/VZ11-12
VZ12R	5'- <i>TATA</i> <u>GCGGCCGC</u> TTTTAATCTGTTGTGGAAATG-3' <i>Not</i> I	

表中、オリゴヌクレオチド配列中の制限酵素部位に、下線を附し、一方、斜字体の配列は、VZV配列中に存在しないさらなる塩基を示す。

【0135】

PCR産物である遺伝子11ORFと遺伝子12ORFの断片を、それぞれ、SpeI/SexAI、およびNotI/SexAIを用いて消化した。2つのPCR断片を、SpeIおよびNotIで消化されているpBluescript SK- (Stratagene) にクローニングした。得られたプラスミドを、SK/VZ11-12とした。

【0136】

プラスミドpHA-2を、PacIで消化し、そしてこの部位をT4DNAポリメラーゼでの処理によって平滑末端化した。このプラスミドを、SK/VZ11-12の平滑末端化されたSexAI部位にクローニングして、得られたプラスミドをpHA-2/VZ11-12 (図1C) とした。

【0137】

(3: 相同組換えによる組換えウイルスの調製)

作製したプラスミドpHA-2/VZ11-12は、選択マーカーとしてグアニンホスホリボシルトランスフェラーゼ (gpt) 遺伝子を含んでいる。また、2つのloxP配列に挟まれたBACベクター配列を含んでいるため、Creリコンビナーゼを作用させることにより、loxP配列に挟まれたBACベクター配列を効率よく除去することが可能である。また、グリーン蛍光タンパク質 (GFP) の蛍光によって、BACベクター配列を含むプラスミドが導入された細胞を容易に確認することが可能である。

【0138】

このプラスミドをNotI消化によって線状化した。0.2 μ gの線状化されたpHA-2/VZ11-12を、Nucleofection unit (Amaxa) を用いて、75 cm² プラスチックフラスコ中でコンフルエントにまで培養されたHEL細胞中にエレクトロポレーションによりトランスフェクションした。トランスフェクションの1日後、トランスフェクションした細胞に、水痘帯状疱疹ウイルスOkazaki株を感染させた。

【0139】

50 μ Mのマイコフェノール酸および200 μ Mのキサンチンを用いてgpt遺伝子による組換えウイルスの選択を行った。HEL細胞に水痘帯状疱疹ウイルスによる典型的な細胞変性効果 (CPE) が見られ、そのうちのいくつかは蛍光顕微鏡下でGFP発現を確認することができた。この結果は、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムにBACベクターが挿入され、そして、BACベクターに含まれるGFP遺伝子が発現していることを示す。

【0140】

(4: 組換えウイルスの富化と大腸菌への導入)

組換えウイルスをgpt遺伝子によるマイコフェノール酸およびキサンチンによる薬剤選択と96ウェルプレートによる限界希釈法を用いることによって富化した。感染細胞から、ハート法 (Hirt, (1967) J. M. Biol 26: 365-9) により環状ウイルスDNAを抽出した。抽出したDNAを、ジーンパルサー (Bio-Rad社) を用いて、エレクトロポレーション法 (0.2 cmキューベット、2.5 kV) により大腸菌DH10Bに導入し、形質転換した。これを、17 μ g/mlのクロラムフェニコールを含む寒天プレートに選択して、VZV-BAC-DNAを含む大腸菌を得た。

【0141】

(5: E. coliにおけるVZV-BAC-DNAプラスミドの安定性)

水痘帯状疱疹ウイルスゲノムを含むBACベクター (VZV-BAC-DNA) を含む大腸菌をLB培地で22~24時間培養し、その培養方法にて3回継代した。継代した中から5クローンを取り出し、その各々を、LB培地にて同様の方法で大量培養した。キット添付のプロトコルに従って、菌体より、NucleoBond PC 100キット (Macherey-Nagel社) を使用して、VZV-BAC-DNAを抽出した。得られた5つのクローンと元のVZV-BAC-DNAを、それぞれ制限酵素BamHIによって消化した。これらのアガロース電気泳動上の制限酵素パターンを図2に示す。これ

らの図では、元のVZV-BAC-DNA（図2、レーン6）と3回継代したVZV-BAC-DNA（図2、レーン1から5）は、同一の泳動パターンを示した。このことは、E. coli中で、VZV-BAC-DNAプラスミドが安定であることを示す。

【0142】

（6：VZV-BAC-DNAからのウイルスの産生）

75 cm² プラスチックフラスコ内でコンフルエントまで培養したHEL細胞に対して、1 μgのVZV-BAC-DNAをNucleofection unit（Amaxa社）を用いてトランスフェクションした。それらを2日後、75 cm² プラスチックフラスコ内でコンフルエントになるまで培養したHEL細胞に継代した。2～3日後に水痘带状疱疹ウイルスによる典型的なCPEが観察された。またCPEが観察された細胞では、蛍光顕微鏡下でGFP遺伝子の発現が確認された。これにより、VZV-BAC-DNAを用いて、組換え水痘带状疱疹ウイルスを産出できたことが、確認された。産出された組換え水痘带状疱疹ウイルスをrV01（図1D）とした。

【0143】

（7：BACベクター配列の切り出し）

東京医科歯科大学川口寧氏によりCreリコンビナーゼを発現する組み換えアデノウイルス（AxCANCre）が分与された（Kanegaeら、（1995）Nucleic Acids Res 23:3816-21）。組み換えアデノウイルスをHEL細胞にMOI（感染多重度）100で感染させた。ウイルスを2時間吸着させた後、PBS（-）で細胞を洗い、5% FCSを含むDMEM培地にて培養した。組み換え水痘ウイルスrV01を組み換えアデノウイルス感染24時間後にHEL細胞に重感染させた。対照を用いた実験により組み換えアデノウイルスによりCreリコンビナーゼが発現され、rV01のゲノムよりBACベクター配列が効率よく切り出されたことを確認した。得られた水痘ウイルスをrV02（図1、E）とした。DNAシーケンスの結果、rV02は、rV01からBACベクター配列が切り出されたものであることを確認した。

【0144】

水痘带状疱疹ウイルスOk株の感染細胞から抽出したDNA（図3、レーン1）と大腸菌由来のVZV-BAC-DNA（図3、レーン2）を制限酵素BamHIで消化した。そのアガロースゲル電気泳動パターンを図3に示す。VZV-BAC-DNAの泳動パターンはBACベクター配列の挿入により親株と比較して約8.1 kbpのBamHIフラグメントが消失し、約7.8 kbpと約9.2 kbpのBamHIフラグメントが追加されていた。また組み換え水痘ウイルスrV02感染細胞から抽出したDNA（図3、レーン3）の約8.2 kbp BamHIフラグメントは、BACベクター配列が切り出された際に残った片側のloxP配列のために、水痘ウイルス親株の約8.1 kbp BamHIフラグメントと比較すると、そのサイズが少し大きくなっている。

【実施例2】

【0145】

（組換え水痘带状疱疹ウイルスの特徴付）

（1：組み換えウイルスの増殖性の比較）

水痘带状疱疹ウイルスOk株と、得られた組換え水痘带状疱疹ウイルスrV02のHEL細胞での増殖性の比較をinfectious center assay法を用いて行った（Gomiら、（2002）J. Virol 76:11447-59）。HEL細胞に感染させた水痘带状疱疹ウイルスOk株、rV02株を感染後0から5日まで培養しトリプシンで採取した後、新しいHEL細胞に感染させ増殖性について比較した。その結果を図4に示す。図4に示すように、得られた組換え水痘ウイルスrV02はin vitroにおいて水痘ウイルスOk株と同等の増殖能を示した。

【実施例3】

【0146】

（病原性の弱い変異型組換え水痘带状疱疹ウイルス株の作製）

本発明に従い、以下の方法を用いることによって、変異型組換え水痘带状疱疹ウイルス

を調製し、変異ウイルスの中から病原性の弱い変異水痘带状疱疹ウイルス株を得ることが可能である。

【0147】

(1: 変異型組換え水痘带状疱疹ウイルスの調製)

変異型組換え水痘带状疱疹ウイルスの調製方法としては、例えば、変異遺伝子を含む核酸と VZV-BAC-DNA プラスミドとの間で相同組換えを起こすことによって、変異型組換え水痘带状疱疹ウイルスを調製する方法が挙げられる。VZV-BAC-DNA プラスミドと相同組換えを起こすために用いられる変異遺伝子は、ランダムな変異を有していても、部位特異的な変異を有していてもよい。これら各々を用いることによって、ランダムな変異を有する変異型組換え水痘带状疱疹ウイルスの集団、および部位特異的な変異を有する変異型組換え水痘带状疱疹ウイルスを得ることができる。以下、その各々についてより詳細に説明する。

【0148】

(1. 1: ランダムな変異を有する変異型組換え水痘带状疱疹ウイルスの調製)

水痘带状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子 62 に変異を有するウイルスのいくつかは弱毒化ウイルスであることが公知である。そのため、本実施例においては、PCR を用いてランダムに変異を導入した遺伝子 62 を作製する。PCR を用いる変異導入方法は周知であり、例えば、ブルーフリーディング機能を有さない耐熱性ポリメラーゼを 4 つのヌクレオチドの 1 つが少ない条件で用いることによって、ランダムに変異を導入することが可能である。必要に応じて、変異型 62 遺伝子に薬剤耐性遺伝子のようなマーカー遺伝子を連結させてもよい。

【0149】

このようにして調製された変異型遺伝子 62 を、実施例 1 (4: 組換えウイルスの富化と大腸菌への導入) に従って、VZV-BAC-DNA プラスミドとともに大腸菌に導入した。そして、変異型配列 62 を VZV-BAC-DNA に対して相同組換えを起こさせる。その後、実施例 1 に記載の方法に従って、相同組換えを生じた水痘带状疱疹ウイルスの DNA を単離し、大腸菌に導入し、相同組換えを起こした VZV-BAC-DNA を含む大腸菌を得る。

【0150】

得られた複数の大腸菌は、各々異なる変異を有する遺伝子 62 を含む VZV-BAC-DNA を有する。そこで、各大腸菌に含まれる変異型 VZV-BAC-DNA により産生される水痘带状疱疹ウイルスの病原性の程度を、下記の (2: 水痘带状疱疹ウイルスの病原性の試験方法) を用いてスクリーニングする。

【0151】

(1. 2: 部位特異的な変異を有する変異型組換え水痘带状疱疹ウイルスの調製)

所望の部位特異的な変異を導入する方法も、当該分野において周知である。例えば、所望の変異を有するプライマーを用いて PCR を行い、その所望の変異を有する遺伝子断片を調製し、その後、その変異遺伝子断片を用いて、さらに PCR を行うことによるか、または制限酵素などの酵素処理を行うことによって、所望の変異を有する遺伝子全長を調製する。

【0152】

このようにして調製された変異遺伝子について、上記 (1. 1.) の手順を用いて、部位特異的な変異を有する変異型組換え水痘带状疱疹ウイルスを調製する。

【0153】

(2: 水痘带状疱疹ウイルスの病原性の試験方法)

水痘带状疱疹ウイルスの病原性を試験する方法について、2 つの方法が確立されている。

【0154】

動物モデルを用いる方法として、ヒトの皮膚を移植した重症複合免疫不全 (SCID) マウスを作製し、これに水痘带状疱疹ウイルスを感染させることによって、病原性につい

ての評価をする方法が周知である (J. Virol. 1998 Feb; 72 (2) : 965-74,)。

【0155】

これに対し試験管内で病原性の評価を行う方法としては、ポアサイズが $3\mu\text{m}$ のトランスウェルで仕切られた二層のウェルの下側に単層培養のヒトメラノーマ細胞を入れ、上側に水痘带状疱疹ウイルスを感染させた臍帯血単核球 (CBMC) をそれぞれ入れ、7~8日培養した後のメラノーマ細胞のCPE (細胞変性効果) の程度を観察する方法もまた周知である (J. Virol. 2000 Feb; 74 (4) : 1864-70)。

【0156】

また、病原性を直接確認する方法ではないが、本発明者らのこれまでの結果 (J. Virol. 2002 Nov; 76 (22) : 11447-59) から、ウイルスの病原性と増殖性には密接な関連があることが理解されているため、infectious center assayによってcell-to-cellの増殖性を調べることによって間接的に病原性について評価を行うことができる。

【実施例4】

【0157】

(ワクチンの製造)

培養面積 210cm^2 のルー瓶20本のMRC-5細胞培養に、実施例1で得た組換え水痘带状疱疹ウイルスを接種の後、培養する。培養終了後、培養液を捨て、各ルー瓶内の感染細胞を200mlのPBS (-) にて2回洗浄する。次いで、20mlの0.03% (w/v) EDTA-3Naを各ルー瓶内の感染細胞に重層し、細胞をルー瓶内壁面から剥離させ浮遊させる。各ルー瓶内の感染細胞浮遊液をプールし、2,000rpmにて10分間、4℃で遠心し、感染細胞のペレットを採取する。これを100mlのPBS (-) に再浮遊の後、凍結融解を1回、行う。次に、氷水浴中で超音波処理 (20KHz、150mA、0.3秒/ml) 後、3,000rpmで20分間、4℃で遠心し、細胞遊離ウイルスを含有の上清を採取し、これを生ワクチン原液とする。この原液から検定用として30mlをサンプリングし、残りの原液70mlに、PBS (-) に溶解したサッカロース及びゼラチン加水分解物をワクチン安定化剤として最終濃度が5% (w/v) 及び2.5% (w/v) になるよう添加混合し、140mlの生ワクチン最終バルクを調製する。この最終バルクから検定用として30mlをサンプリングの後、残りバルクを3ml容のバイアル瓶に0.5mlずつ分注し、凍結乾燥の後、窒素ガスを充填しゴム栓で封をしバイアル瓶内部を気密密閉する。この生ワクチン小分品は、4℃で保存し、使用の直前に注射用蒸留水0.5mlを添加し乾燥内容物を完全に溶解し用いる。一方、サンプリングした上記のワクチン原液と最終バルク、及び小分品20本につき、検定試験を行う。この検定試験は、安全性、有効性及び均質性を確認し、生ワクチンとしての適格性を確定するため、厚生省告示第195号に規定の生物学的製剤基準 (1989年) 「乾燥弱毒生水痘 ワクチン」に準拠し、かつ、同じく規定の基準「組換え沈降B型肝炎ワクチン (酵母由来)」をも考慮し、実施する。この検定試験の結果、上記の小分品は、そのウイルス含量が 2×10^4 PFU (プラーク形成単位) / 0.5mlであり、かつ、上記基準に規定の各種試験に合格した場合、適格性を備えた生ワクチンとしてその後の使用に供する。

【実施例5】

【0158】

(組換え水痘带状疱疹ウイルスワクチンの免疫原性の判定)

実施例4で製造した組換え水痘带状疱疹ウイルスワクチン株の免疫原性を、モルモットを用いて測定する。比較対照として、Ok株生ワクチンを使用する。これ等の各ワクチンを3週令の平均体重250gのモルモット3匹にそれぞれ皮下接種する。ワクチン接種は、接種量が組換え株及びOk株生ワクチンでは、3,000PFU又は2,000PFU/モルモットになるよう各ワクチンをPBS (-) で希釈調整して行う。ワクチン接種後、4、6及び8週目に、各被接種モルモットの大腿部静脈から部分採血し、その血中抗体価を測定する。抗体価の測定には、中和試験法 (Journal of Gene

ral Virology, 61, 255-269, 1982) を、採用する。組換え水痘帯状疱疹ウイルスワクチンが Ok a 株と同程度に、VZV 抗体を誘導することを確認する。これらの結果から、免疫原性が良好な組換え水痘帯状疱疹ウイルスワクチンを選択する。

【0159】

以上のように、本発明の好ましい実施形態を用いて本発明を例示してきたが、本発明は、特許請求の範囲によってのみその範囲が解釈されるべきであることが理解される。本明細書において引用した特許、特許出願および文献は、その内容自体が具体的に本明細書に記載されているのと同様にその内容が本明細書に対する参考として援用されるべきであることが理解される。

【産業上の利用可能性】

【0160】

本発明によって、例えば、BAC (大腸菌人工染色体) を用い、単一のウイルス株から組換え水痘帯状疱疹ウイルスを作製する方法、およびその方法によって作製された組換え水痘帯状疱疹ウイルスが提供される。また、本発明によって、組換え水痘帯状疱疹ウイルスを含む薬学的組成物がまた提供される。

【0161】

さらに、本発明によって、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム遺伝子と BAC ベクター配列を含むベクター、およびそのようなベクターを含む細胞、ならびに水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得るフラグメント、および BAC ベクター配列を含む核酸カセットが提供される。

【図面の簡単な説明】

【0162】

【図1】 図1は、水痘帯状疱疹ウイルス Ok a 株ゲノムおよび組換え水痘帯状疱疹ウイルスの構築を模式的に示す図である。

【0163】

VZV ゲノム (A) は、約 125 kbp 長であり、末端反復 (TR) DNA ドメイン、特有の長い (UR) DNA ドメイン、内部反復 (IR) DNA ドメイン、および特有の短い (US) DNA ドメインからなる。組換えプラスミド PHA-2/VZV11-12 (C) を構築するために、VZV ゲノムの ORF11 フラグメントおよび ORF12 フラグメントを、適切なプライマーを使用し、PCR 増幅によって作製した。この組換えプラスミドは、loxP 部位と隣接する、約 2.0 kbp の側方の相同性配列および BAC ベクターを含んだ。BAC クローン化 VZV rV01 (D) を、組換えプラスミド PHA-2/VZV11-12 および VZV ウイルスの相同組換えによって、HEL 細胞中で作製した。環状 BAC クローン化ゲノムを大腸菌に導入することによって、VZV BAC プラスミドを作製した。VZV rV02 (E) を、BAC クローン化 VZV rV01 および組換えアデノウイルス (AxCANCre) の重複感染によって、作製した。L を囲む円は、loxP 部位を表す。

【図2】 図2は、大腸菌中での VZV BAC プラスミドの安定性を示すデータである。

【0164】

VZV BAC プラスミドを有する大腸菌を、3回継代し、最後に、クロラムフェニコールを含有するアガープレート上で選択した。そのうちの5クローンについて培養し、DNA を抽出した。そして BamHI 消化およびゲル電気泳動によって分析した。5つ全てのクローン (レーン1~5) を、元の VZV BAC プラスミド (レーン6) と比較した。その結果、アガロースゲル上で同一の制限酵素パターンが示された。これは、大腸菌中の VZV プラスミドの高い安定性を示した。分子サイズを、左に示す。

【図3】 図3は、水痘帯状疱疹ウイルス Ok a 株および組換え水痘帯状疱疹ウイルスのゲノム DNA 制限酵素パターンを示す。感染細胞から抽出された水痘帯状疱疹ウイルス Ok a 株 DNA (レーン1)、大腸菌から単離された VZV BAC プラスミド

DNA（レーン2）、および感染細胞から単離された組換え水痘帯状疱疹ウイルス rV02 DNA（レーン3）を示す。BAC配列の挿入の結果として生じるVZV BACプラスミドのフラグメント（レーン2）を、矢印で示す。組換え水痘帯状疱疹ウイルス rV02 DNAにおいて矢印で示されたフラグメントは、残った片側のloxP配列によって水痘帯状疱疹ウイルスOkazaki株DNA（レーン1）のものと比較して大きくなっている。分子サイズを、左に示す。

【図4】図4は、水痘帯状疱疹ウイルスOkazaki株（Parent）と組換え水痘帯状疱疹ウイルス（rV02）のインビトロでの増殖比較を示す。35mmディッシュのHEL細胞を、0.01PFU/細胞の多重度で、感染させ、次いで、感染細胞を洗浄し、感染から0～5日、トリプシンで処理した。このトリプシンで処理した細胞を、HEL細胞に感染させ、増殖能について調べた。感性細胞の数を、初期ウイルスタイター/ディッシュに規格化し；倍数増加は、0日目において1個の感染細胞から伝播した感染細胞の数を示す。

【配列表フリーテキスト】

【0165】

配列番号1：VZ11Fプライマー

配列番号2：VZ11Rプライマー

配列番号3：VZ12Fプライマー

配列番号4：VZ12Rプライマー

配列番号5：遺伝子62の配列

配列番号6：遺伝子62の配列

配列番号7：プラスミドPHA-2の配列

配列番号8：水痘帯状疱疹ウイルスDumas株

配列番号9：配列番号8の1134位～1850位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子2）

配列番号10：配列番号8の8607位～9386位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子7）

配列番号11：配列番号8の10642位～10902位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子9A）

配列番号12：配列番号8の11009位～11917位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子9）

配列番号13：配列番号8の12160位～13392位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子10）

配列番号14：配列番号8の13590位～16049位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子11）

配列番号15：配列番号8の16214位～18199位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子12）

配列番号16：配列番号8の18441位～19346位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子13）

配列番号17：配列番号8の24149位～25516位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子17）

配列番号18：配列番号8の30759位～33875位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子21）

配列番号19：配列番号8の34083位～42374位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子22）

配列番号20：配列番号8の44506位～46263位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子26）

配列番号21：配列番号8の50857位～54471位に5'→3'方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子29）

配列番号22：配列番号8の54651位～56963位に5'→3'方向でコードされ

るアミノ酸配列 (遺伝子 30)

配列番号 23: 配列番号 8 の 57008 位 ~ 59614 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 31)

配列番号 24: 配列番号 8 の 59766 位 ~ 60197 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 32)

配列番号 25: 配列番号 8 の 64807 位 ~ 65832 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 36)

配列番号 26: 配列番号 8 の 66074 位 ~ 68599 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 37)

配列番号 27: 配列番号 8 の 70633 位 ~ 71355 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 39)

配列番号 28: 配列番号 8 の 71540 位 ~ 75730 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 40)

配列番号 29: 配列番号 8 の 75847 位 ~ 76797 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 41)

配列番号 30: 配列番号 8 の 78170 位 ~ 80200 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 43)

配列番号 31: 配列番号 8 の 80360 位 ~ 81451 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 44)

配列番号 32: 配列番号 8 の 82719 位 ~ 83318 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 46)

配列番号 33: 配列番号 8 の 84667 位 ~ 86322 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 48)

配列番号 34: 配列番号 8 の 87881 位 ~ 90388 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 51)

配列番号 35: 配列番号 8 の 90493 位 ~ 92808 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 52)

配列番号 36: 配列番号 8 の 95996 位 ~ 98641 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 55)

配列番号 37: 配列番号 8 の 110581 位 ~ 111417 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 63)

配列番号 38: 配列番号 8 の 111565 位 ~ 112107 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 64)

配列番号 39: 配列番号 8 の 113037 位 ~ 114218 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 66)

配列番号 40: 配列番号 8 の 114496 位 ~ 115560 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 67)

配列番号 41: 配列番号 8 の 115808 位 ~ 117679 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 68)

配列番号 42: 配列番号 8 の 120764 位 ~ 124696 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 71)

配列番号 43: 配列番号 8 の部分配列 (遺伝子 27)

配列番号 44: 配列番号 43 の 1 位 ~ 999 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 27)

配列番号 45: 配列番号 8 の部分配列 (遺伝子 47)

配列番号 46: 配列番号 45 の 1 位 ~ 1530 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 47)

配列番号 47: 配列番号 8 の部分配列

配列番号 48: 配列番号 47 の 1 位 ~ 243 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 49)

配列番号 49: 配列番号 8 の部分配列

配列番号 50: 配列番号 49 の 1 位～732 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 56)

配列番号 51: 配列番号 8 の配列の相補鎖配列

配列番号 52: 配列番号 8 の 118480 位～119316 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 51 の 5569 位～6405 位に対応する) (遺伝子 70)

配列番号 53: 配列番号 8 の 117790 位～118332 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 51 の 6553 位～7095 位に対応する) (遺伝子 69)

配列番号 54: 配列番号 8 の 112332 位～112640 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 51 の 12245 位～12553 位に対応する) (遺伝子 65)

配列番号 55: 配列番号 8 の 105201 位～109133 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 51 の 15752 位～19684 位に対応する) (遺伝子 62)

配列番号 56: 配列番号 8 の 103082 位～104485 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 51 の 20400 位～21803 位に対応する) (遺伝子 61)

配列番号 57: 配列番号 8 の 100302 位～101219 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 51 の 23666 位～24583 位に対応する) (遺伝子 59)

配列番号 58: 配列番号 8 の 99411 位～99626 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 51 の 25259 位～25474 位に対応する) (遺伝子 57)

配列番号 59: 配列番号 8 の 92855 位～93850 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 51 の 31035 位～32030 位に対応する) (遺伝子 53)

配列番号 60: 配列番号 8 の 68668 位～70293 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 51 の 54592 位～56217 位に対応する) (遺伝子 38)

配列番号 61: 配列番号 8 の 63977 位～64753 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 51 の 60132 位～60908 位に対応する) (遺伝子 35)

配列番号 62: 配列番号 8 の 62171 位～63910 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 51 の 60975 位～62714 位に対応する) (遺伝子 34)

配列番号 63: 配列番号 8 の 60321 位～62138 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 51 の 62747 位～64564 位に対応する) (遺伝子 33)

配列番号 64: 配列番号 8 の 47052 位～50636 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 51 の 74249 位～77833 位に対応する) (遺伝子 28)

配列番号 65: 配列番号 8 の 44148 位～44618 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 51 の 80267 位～80737 位に対応する) (遺伝子 25)

配列番号 66: 配列番号 8 の 43212 位～44021 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 51 の 80864 位～81673 位に対応する) (遺伝子 24)

配列番号 67: 配列番号 8 の 42431 位～43138 位に 3' → 5' 方向でコードされ

るアミノ酸配列（配列番号51の81747位～82454位に対応する）（遺伝子23）

配列番号68：配列番号8の29024位～30475位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の94410位～95861位に対応する）（遺伝子20）

配列番号69：配列番号8の26518位～28845位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の96040位～98367位に対応する）（遺伝子19）

配列番号70：配列番号8の25573位～26493位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の98392位～99312位に対応する）（遺伝子18）

配列番号71：配列番号8の22568位～23794位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の101091位～102317位に対応する）（遺伝子16）

配列番号72：配列番号8の21258位～22478位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の102407位～103627位に対応する）（遺伝子15）

配列番号73：配列番号8の19431位～21113位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の103772位～105454位に対応する）（遺伝子14）

配列番号74：配列番号8の9477位～10667位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の114218位～115408位に対応する）（遺伝子8）

配列番号75：配列番号8の5326位～8577位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の116308位～119559位に対応する）（遺伝子6）

配列番号76：配列番号8の4252位～5274位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の119611位～120633位に対応する）（遺伝子5）

配列番号77：配列番号8の2783位～4141位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の120744位～122102位に対応する）（遺伝子4）

配列番号78：配列番号8の1908位～2447位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の122438位～122977位に対応する）（遺伝子3）

配列番号79：配列番号8の589位～915位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の123970位～124296位に対応する）（遺伝子1）

配列番号80：配列番号51の部分配列

配列番号81：配列番号80の1位～1056位および4556位～5740位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の46847位～48034位および42292位～43347位に対応する）（遺伝子42および遺伝子45）

配列番号82：配列番号51の部分配列

配列番号83：配列番号82の1位～1305位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の123580位～124884位に対応する）（遺伝子50）

配列番号84：配列番号51の部分配列

配列番号85：配列番号84の1位～2307位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の122578位～124884位に対応する）（遺伝子54）

配列番号86：配列番号51の部分配列

配列番号87：配列番号86の1位～663位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の124222位～124884位に対応する）（遺伝子58）

配列番号88：配列番号51の部分配列

配列番号89：配列番号88の1位～427位に3'→5'方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号51の124458位～124884位に対応する）（遺伝子60）

配列番号90：配列番号51の部分配列

配列番号 9 1：配列番号 9 0 の 1 位～9 0 3 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸
配列（配列番号 5 1 の 6 0 3 2 1 位～6 1 2 2 9 位に対応する）（遺伝子 3 3. 5）

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> The Research Foundation for Microbial Diseases of Osaka University

<120> Recombinant varicella-zoster virus

<130> J1-03392485

<160> 91

<170> PatentIn version 3.2

<210> 1

<211> 35

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> primer

<400> 1

tataactagt gcggccgctt acgaaaacgt gcatg 35

<210> 2

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> primer

<400> 2

cgcgacctgg tttattttac aaactccttt gtgg 34

<210> 3

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> primer

<400> 3

gcgcaccagg tctctgttta gaccttaaaa ttg 34

<210> 4
 <211> 34
 <212> DNA
 <213> Artificial

<220>
 <223> primer

<400> 4
 tatagcggcc gcttttaatc tggttgtgga aatg 34

<210> 5
 <211> 4226
 <212> DNA
 <213> Varicella zoster

<220>
 <221> CDS
 <222> (229)..(4158)

<400> 5
 atactatggt ccatgaactt cccgcctcga gtctcgtcca atcactacat cgtcttatca 60
 ttaagaatat ttacacggtg acgacacggg gaggaaatat gcggtcgagg ggggggcaca 120
 acacgtttta agtactgttg gaactccctc accaaccgca aycgcaatcc tttgaaggct 180
 gcgagagcgt ttggaaaact cgggtacgtc taaattcacc ccagygcg atg gat acg 237
 Met Asp Thr
 1

ccg ccg atg cag cgc tct aca ccc caa cgc gcg ggg tcg cct gat act 285
 Pro Pro Met Gln Arg Ser Thr Pro Gln Arg Ala Gly Ser Pro Asp Thr
 5 10 15

ttg gag tta atg gac ctg ttg gac gcg gcc gcc gcg gcc gcc gaa cac 333
 Leu Glu Leu Met Asp Leu Leu Asp Ala Ala Ala Ala Ala Ala Glu His
 20 25 30 35

agg gcc cgg gtg gtc acc tcg agt cag cct gac gat cta cta ttt gga 381
 Arg Ala Arg Val Val Thr Ser Ser Gln Pro Asp Asp Leu Leu Phe Gly
 40 45 50

gag aac ggg gtc atg gtg gga cgg gaa cat gag atc gtt tca att ccc 429
 Glu Asn Gly Val Met Val Gly Arg Glu His Glu Ile Val Ser Ile Pro
 55 60 65

tcc gta tcg gga ctt caa cca gaa ccc aga acg gaa gat gtt ggc gaa 477

Ser	Val	Ser	Gly	Leu	Gln	Pro	Glu	Pro	Arg	Thr	Glu	Asp	Val	Gly	Glu	
	70						75					80				
gag	cta	aca	caa	gac	gac	tac	gta	tgc	gag	gac	ggt	cag	gat	cta	ayg	525
Glu	Leu	Thr	Gln	Asp	Asp	Tyr	Val	Cys	Glu	Asp	Gly	Gln	Asp	Leu	Xaa	
	85					90					95					
ggc	tcg	cct	gta	atc	ccg	ctg	gcc	gag	gtc	ttc	cac	acc	cga	ttc	tcg	573
Gly	Ser	Pro	Val	Ile	Pro	Leu	Ala	Glu	Val	Phe	His	Thr	Arg	Phe	Ser	
100					105				110						115	
gag	gcc	ggc	gcg	cga	gaa	cca	aca	gga	gcc	gat	cgc	tcc	ctc	gag	aca	621
Glu	Ala	Gly	Ala	Arg	Glu	Pro	Thr	Gly	Ala	Asp	Arg	Ser	Leu	Glu	Thr	
				120				125						130		
gtc	tct	ctc	gga	acg	aag	ctt	gct	agg	tct	cca	aaa	cca	ccg	atg	aac	669
Val	Ser	Leu	Gly	Thr	Lys	Leu	Ala	Arg	Ser	Pro	Lys	Pro	Pro	Met	Asn	
			135				140						145			
gat	ggg	gaa	acg	ggc	aga	ggt	acg	acc	cct	ccg	ttc	ccg	cag	gcc	ttc	717
Asp	Gly	Glu	Thr	Gly	Arg	Gly	Thr	Thr	Pro	Pro	Phe	Pro	Gln	Ala	Phe	
	150					155					160					
tcc	cct	gta	tcc	ccc	gcg	tct	cct	gtt	gga	gac	gcc	gcc	ggg	aac	gat	765
Ser	Pro	Val	Ser	Pro	Ala	Ser	Pro	Val	Gly	Asp	Ala	Ala	Gly	Asn	Asp	
	165					170				175						
caa	cgg	gaa	gac	cag	cgg	tct	ata	ccc	cga	caa	acg	acg	aga	gga	aat	813
Gln	Arg	Glu	Asp	Gln	Arg	Ser	Ile	Pro	Arg	Gln	Thr	Thr	Arg	Gly	Asn	
180					185				190					195		
tca	cca	ggt	ttg	ccg	tcg	gtg	gtc	cat	cga	gac	aga	caa	act	cag	tcc	861
Ser	Pro	Gly	Leu	Pro	Ser	Val	Val	His	Arg	Asp	Arg	Gln	Thr	Gln	Ser	
				200				205						210		
atc	tcg	ggt	aaa	aag	ccg	ggc	gat	gag	caa	gcg	ggt	cat	gcg	cat	gca	909
Ile	Ser	Gly	Lys	Lys	Pro	Gly	Asp	Glu	Gln	Ala	Gly	His	Ala	His	Ala	
			215				220					225				
tcg	ggg	gac	gga	gta	gtt	ctc	cag	aaa	act	caa	cgg	ccc	gct	cag	gga	957
Ser	Gly	Asp	Gly	Val	Val	Leu	Gln	Lys	Thr	Gln	Arg	Pro	Ala	Gln	Gly	
	230					235						240				
aag	agc	ccg	aag	aaa	aag	act	ttg	aag	gtt	aag	gtc	cca	ctc	ccg	gcg	1005
Lys	Ser	Pro	Lys	Lys	Lys	Thr	Leu	Lys	Val	Lys	Val	Pro	Leu	Pro	Ala	
	245					250					255					
cgg	aaa	ccc	ggt	gga	cct	gta	ccc	ggc	ccg	gtt	gag	caa	ttg	tac	cac	1053
Arg	Lys	Pro	Gly	Gly	Pro	Val	Pro	Gly	Pro	Val	Glu	Gln	Leu	Tyr	His	
260					265				270						275	

gtc ctt tcg gac agc gtt ccc gct aag ggg gca aag gcg gac ctg ccg Val Leu Ser Asp Ser Val Pro Ala Lys Gly Ala Lys Ala Asp Leu Pro 280 285 290	1101
ttt gag acc gat gat acc cgc cca agg aaa cat gat gcc cgg ggt ata Phe Glu Thr Asp Asp Thr Arg Pro Arg Lys His Asp Ala Arg Gly Ile 295 300 305	1149
aca cct cgc gtc cct gga cgt tcg tcg ggg ggc aaa cct aga gcg ttt Thr Pro Arg Val Pro Gly Arg Ser Ser Gly Gly Lys Pro Arg Ala Phe 310 315 320	1197
ttg gcc ctg ccg gga aga tcc cac gca cca gac ccg att gag gat gac Leu Ala Leu Pro Gly Arg Ser His Ala Pro Asp Pro Ile Glu Asp Asp 325 330 335	1245
agc ccg gtg gag aaa aag cca aag agt cgt gag ttt gtt tcg tct tca Ser Pro Val Glu Lys Lys Pro Lys Ser Arg Glu Phe Val Ser Ser Ser 340 345 350 355	1293
tcc tct tcc tcg tcg tgg gga tcg tca tcg gag gat gaa gac gat gaa Ser Ser Ser Ser Ser Trp Gly Ser Ser Ser Glu Asp Glu Asp Asp Glu 360 365 370	1341
ccc cgg cgc gtt tcg gtg gga agt gaa act aca ggc agc agg tcc gga Pro Arg Arg Val Ser Val Gly Ser Glu Thr Thr Gly Ser Arg Ser Gly 375 380 385	1389
cgc gaa cac gcc cct tcc ccg tca aat tcg gat gat tcg gac tca aat Arg Glu His Ala Pro Ser Pro Ser Asn Ser Asp Asp Ser Asp Ser Asn 390 395 400	1437
gat ggt ggg tcg acg aaa caa aat atc caa ccg gga tat cga tcc atc Asp Gly Gly Ser Thr Lys Gln Asn Ile Gln Pro Gly Tyr Arg Ser Ile 405 410 415	1485
agc ggt ccc gat ccg agg att cgt aag acc aaa cgt ctt gcg ggg gaa Ser Gly Pro Asp Pro Arg Ile Arg Lys Thr Lys Arg Leu Ala Gly Glu 420 425 430 435	1533
ccg ggg cgc cag aga cag aaa tca ttt tcc ctg ccg cga tcc aga acc Pro Gly Arg Gln Arg Gln Lys Ser Phe Ser Leu Pro Arg Ser Arg Thr 440 445 450	1581
ccg ata att ccc ccg gtg tcg ggg ccg ctc atg atg ccc gac gga agc Pro Ile Ile Pro Pro Val Ser Gly Pro Leu Met Met Pro Asp Gly Ser 455 460 465	1629
cct tgg ccc gga tcg gcg ccc ctc cca tcc aac agg gtg cgg ttt gga	1677

Pro	Trp	Pro	Gly	Ser	Ala	Pro	Leu	Pro	Ser	Asn	Arg	Val	Arg	Phe	Gly		
		470					475					480					
ccg	tcc	ggg	gag	acc	aga	gag	ggt	cac	tgg	gag	gat	gag	gct	gtg	aga	1725	
Pro	Ser	Gly	Glu	Thr	Arg	Glu	Gly	His	Trp	Glu	Asp	Glu	Ala	Val	Arg		
		485					490				495						
gcg	gcg	cgg	gct	cgt	tac	gag	gcc	tca	act	gaa	ccc	gyg	cgg	ctt	tac	1773	
Ala	Ala	Arg	Ala	Arg	Tyr	Glu	Ala	Ser	Thr	Glu	Pro	Xaa	Pro	Leu	Tyr		
500					505					510					515		
gtg	ccg	gag	ttg	gga	gat	ccg	gct	aga	cag	tac	cgc	gcg	ctg	att	aac	1821	
Val	Pro	Glu	Leu	Gly	Asp	Pro	Ala	Arg	Gln	Tyr	Arg	Ala	Leu	Ile	Asn		
				520					525					530			
ctg	atc	tac	tgt	cca	gac	aga	gac	cct	ata	gca	tgg	ctc	cag	aac	ccc	1869	
Leu	Ile	Tyr	Cys	Pro	Asp	Arg	Asp	Pro	Ile	Ala	Trp	Leu	Gln	Asn	Pro		
			535					540					545				
aag	ctg	acc	ggt	gtc	aac	tcg	gcc	ctg	aac	cag	ttc	tac	caa	aag	ctg	1917	
Lys	Leu	Thr	Gly	Val	Asn	Ser	Ala	Leu	Asn	Gln	Phe	Tyr	Gln	Lys	Leu		
		550					555					560					
ttg	cca	ccg	gga	cgg	gcg	ggt	acc	gcc	gtt	acg	ggg	agc	gta	gcg	tct	1965	
Leu	Pro	Pro	Gly	Arg	Ala	Gly	Thr	Ala	Val	Thr	Gly	Ser	Val	Ala	Ser		
	565					570					575						
ccc	gtt	ccg	cat	gta	ggc	gaa	gcc	atg	gcc	acg	ggg	gag	gcc	ctc	tgg	2013	
Pro	Val	Pro	His	Val	Gly	Glu	Ala	Met	Ala	Thr	Gly	Glu	Ala	Leu	Trp		
580					585					590				595			
gct	ctc	ccc	cac	gcg	gcc	gcg	gcc	gtg	gct	atg	agc	cgt	cgg	tac	gac	2061	
Ala	Leu	Pro	His	Ala	Ala	Ala	Ala	Val	Ala	Met	Ser	Arg	Arg	Tyr	Asp		
				600				605						610			
cgg	gcc	caa	aaa	cac	ttt	atc	cta	cag	agt	ctc	cgc	aga	gcc	ttt	gcc	2109	
Arg	Ala	Gln	Lys	His	Phe	Ile	Leu	Gln	Ser	Leu	Arg	Arg	Ala	Phe	Ala		
			615					620					625				
ggc	atg	gca	tac	ccc	gag	gca	acg	ggc	tcc	agt	ccg	gcg	gcg	cgg	atc	2157	
Gly	Met	Ala	Tyr	Pro	Glu	Ala	Thr	Gly	Ser	Ser	Pro	Ala	Ala	Arg	Ile		
		630					635					640					
tcc	cgc	ggt	cac	cct	tct	cca	aca	acc	ccg	gcc	aca	cag	act	ccc	gac	2205	
Ser	Arg	Gly	His	Pro	Ser	Pro	Thr	Thr	Pro	Ala	Thr	Gln	Thr	Pro	Asp		
		645					650					655					
cct	cag	ccg	tcg	gcc	gcc	gcg	cgc	tct	ctt	tct	gtg	tgt	cca	ccg	gat	2253	
Pro	Gln	Pro	Ser	Ala	Ala	Ala	Arg	Ser	Leu	Ser	Val	Cys	Pro	Pro	Asp		
660					665					670					675		

gat cgt tta cga act ccg cgc aag cgc aag tcc cag cca gtc gag agc Asp Arg Leu Arg Thr Pro Arg Lys Arg Lys Ser Gln Pro Val Glu Ser 680 685 690	2301
aga agc ctc ctc gac aag att agg gag aca ccc gtc gcg gac gcc cgg Arg Ser Leu Leu Asp Lys Ile Arg Glu Thr Pro Val Ala Asp Ala Arg 695 700 705	2349
gtt gca gac gat cat gtg gtt tcc aag gcc aag agg cgg gta tcc gag Val Ala Asp Asp His Val Val Ser Lys Ala Lys Arg Arg Val Ser Glu 710 715 720	2397
ccc gtg acc atc acc tcg ggc cct gtg gtg gat ccc ccc gcc gta ata Pro Val Thr Ile Thr Ser Gly Pro Val Val Asp Pro Pro Ala Val Ile 725 730 735	2445
acg atg cca ctt gac gga ccg gcc cca aac ggg gga ttt cgg cgt att Thr Met Pro Leu Asp Gly Pro Ala Pro Asn Gly Gly Phe Arg Arg Ile 740 745 750 755	2493
ccc cgg ggg gcc ctg cat acc ccg gtc ccg tcg gac cag gct cgc aag Pro Arg Gly Ala Leu His Thr Pro Val Pro Ser Asp Gln Ala Arg Lys 760 765 770	2541
gcg tac tgt acc ccc gaa acc atc gcc cgt ctg gtc gac gac cca ttg Ala Tyr Cys Thr Pro Glu Thr Ile Ala Arg Leu Val Asp Asp Pro Leu 775 780 785	2589
ttt ccc acg gcc tgg cgc cct gcg cta agc ttt gat ccc ggc gcc ttg Phe Pro Thr Ala Trp Arg Pro Ala Leu Ser Phe Asp Pro Gly Ala Leu 790 795 800	2637
gcg gaa atc gcc gct cgg cgt ccg ggc gga gga gac cga cgg ttt ggt Ala Glu Ile Ala Ala Arg Arg Pro Gly Gly Gly Asp Arg Arg Phe Gly 805 810 815	2685
cca ccc agc gga gtg gag gcg ctg cga cgg agg tgc gcc tgg atg cgg Pro Pro Ser Gly Val Glu Ala Leu Arg Arg Arg Cys Ala Trp Met Arg 820 825 830 835	2733
cag atc cca gac ccg gag gat gtg agg ctt ctg atc atc tac gat ccg Gln Ile Pro Asp Pro Glu Asp Val Arg Leu Leu Ile Ile Tyr Asp Pro 840 845 850	2781
ttg ccc gga gag gac atc aac ggc ccc ctc gag agc acc ctc gcg aca Leu Pro Gly Glu Asp Ile Asn Gly Pro Leu Glu Ser Thr Leu Ala Thr 855 860 865	2829
gat ccg gga ccg tca tgg agt cca tcc cga ggg gga ctg tct gtg gtc	2877

Asp	Pro	Gly	Pro	Ser	Trp	Ser	Pro	Ser	Arg	Gly	Gly	Leu	Ser	Val	Val		
	870						875					880					
ctg	gca	gcc	ctg	agt	aac	cgg	ttg	tgc	ctg	ccg	agc	act	cat	gcc	tgg	2925	
Leu	Ala	Ala	Leu	Ser	Asn	Arg	Leu	Cys	Leu	Pro	Ser	Thr	His	Ala	Trp		
	885					890				895							
gcc	ggg	aac	tgg	acc	ggc	ccg	ccg	gac	gtg	tcc	gct	ttg	aac	gcc	cgg	2973	
Ala	Gly	Asn	Trp	Thr	Gly	Pro	Pro	Asp	Val	Ser	Ala	Leu	Asn	Ala	Arg		
900					905				910					915			
ggc	gtt	tta	tta	ctg	tcg	acc	cga	gac	ctg	gcc	ttt	gcc	ggg	gcc	gtc	3021	
Gly	Val	Leu	Leu	Leu	Ser	Thr	Arg	Asp	Leu	Ala	Phe	Ala	Gly	Ala	Val		
				920					925					930			
gag	tat	cta	ggc	tcg	cgg	ttg	gcc	tct	gcc	cgg	cgc	cgg	ttg	ctg	gtg	3069	
Glu	Tyr	Leu	Gly	Ser	Arg	Leu	Ala	Ser	Ala	Arg	Arg	Arg	Leu	Leu	Val		
			935					940					945				
ttg	gac	gcg	gtg	gcc	ctc	gag	agg	tgg	ccc	ggg	gat	gga	ccc	gct	ttg	3117	
Leu	Asp	Ala	Val	Ala	Leu	Glu	Arg	Trp	Pro	Gly	Asp	Gly	Pro	Ala	Leu		
	950					955					960						
tct	cag	tat	cac	gtg	tac	gtc	cgg	gcc	ccg	gcg	cga	ccg	gac	gcc	cag	3165	
Ser	Gln	Tyr	His	Val	Tyr	Val	Arg	Ala	Pro	Ala	Arg	Pro	Asp	Ala	Gln		
	965					970					975						
gcc	gtc	gtc	cga	tgg	cca	gac	tcg	gcg	gtc	aca	gaa	gga	ctc	gcc	cgg	3213	
Ala	Val	Val	Arg	Trp	Pro	Asp	Ser	Ala	Val	Thr	Glu	Gly	Leu	Ala	Arg		
980					985				990					995			
gcc	gtg	ttt	gca	tcg	tcg	cgc	acc	ttt	ggg	cca	gcg	agt	ttt	gct		3258	
Ala	Val	Phe	Ala	Ser	Ser	Arg	Thr	Phe	Gly	Pro	Ala	Ser	Phe	Ala			
				1000					1005					1010			
cgt	atc	gag	act	gcg	ttt	gcc	aac	ctg	tac	ccg	ggc	gaa	caa	ccc		3303	
Arg	Ile	Glu	Thr	Ala	Phe	Ala	Asn	Leu	Tyr	Pro	Gly	Glu	Gln	Pro			
				1015					1020					1025			
ctg	tgt	ttg	tgc	cgc	ggt	ggg	aac	gtc	gca	tac	acc	gtg	tgt	acc		3348	
Leu	Cys	Leu	Cys	Arg	Gly	Gly	Asn	Val	Ala	Tyr	Thr	Val	Cys	Thr			
				1030					1035					1040			
cgc	gcg	ggc	ccc	aag	acc	cgc	gtc	ccc	ctg	tcg	ccc	cgt	gaa	tac		3393	
Arg	Ala	Gly	Pro	Lys	Thr	Arg	Val	Pro	Leu	Ser	Pro	Arg	Glu	Tyr			
				1045					1050					1055			
cgg	cag	tac	gtg	ctg	ccg	ggt	ttt	gac	ggt	tgc	aag	gac	ctc	gcg		3438	
Arg	Gln	Tyr	Val	Leu	Pro	Gly	Phe	Asp	Gly	Cys	Lys	Asp	Leu	Ala			
				1060					1065					1070			

cga cag tct cgg ggt	ctg ggg ctc ggg gca	gcc gac ttt gtg gac	3483
Arg Gln Ser Arg Gly	Leu Gly Leu Gly Ala	Ala Asp Phe Val Asp	
1075	1080	1085	
gag gcg gca cat agc	cac cgc gca gca aac	cga tgg ggc ctg ggt	3528
Glu Ala Ala His Ser	His Arg Ala Ala Asn	Arg Trp Gly Leu Gly	
1090	1095	1100	
gcc gcg ctt cga ccc	gtc ttc ctt ccc gag	gga cgg aga ccg ggg	3573
Ala Ala Leu Arg Pro	Val Phe Leu Pro Glu	Gly Arg Arg Pro Gly	
1105	1110	1115	
gcc gcc ggg ccg gag	gcc ggc gac gta ccc	acc tgg gcg agg gtg	3618
Ala Ala Gly Pro Glu	Ala Gly Asp Val Pro	Thr Trp Ala Arg Val	
1120	1125	1130	
ttt tgc cgc cac gcc	ctg ctg gaa ccc gac	cct gcc gcg gaa cca	3663
Phe Cys Arg His Ala	Leu Leu Glu Pro Asp	Pro Ala Ala Glu Pro	
1135	1140	1145	
ctc gtg ctt cca ccc	gtg gcc ggt cgg tcg	gtg gcg ctg tat gcg	3708
Leu Val Leu Pro Pro	Val Ala Gly Arg Ser	Val Ala Leu Tyr Ala	
1150	1155	1160	
tcg gcg gac gag gct	cgg aat gcc ctc ccc	ccg att ccc aga gta	3753
Ser Ala Asp Glu Ala	Arg Asn Ala Leu Pro	Pro Ile Pro Arg Val	
1165	1170	1175	
atg tgg ccg ccc ggt	ttt ggg gcc gcg gag	acg gtg ttg gag ggg	3798
Met Trp Pro Pro Gly	Phe Gly Ala Ala Glu	Thr Val Leu Glu Gly	
1180	1185	1190	
agc gac gga aca cgg	ttc gcg ttc gga cac	cac ggg ggc tcg gaa	3843
Ser Asp Gly Thr Arg	Phe Ala Phe Gly His	His Gly Gly Ser Glu	
1195	1200	1205	
cgg ccg gca gaa acc	cag gcg ggg cga cag	cgg cgc acc gca gac	3888
Arg Pro Ala Glu Thr	Gln Ala Gly Arg Gln	Arg Arg Thr Ala Asp	
1210	1215	1220	
gac aga gaa cac gct	ttg gag ccg gac gat	tgg gag gtg ggg tgt	3933
Asp Arg Glu His Ala	Leu Glu Pro Asp Asp	Trp Glu Val Gly Cys	
1225	1230	1235	
gaa gac gcg tgg gac	agc gag gag ggg ggc	ggg gac gac ggg gac	3978
Glu Asp Ala Trp Asp	Ser Glu Glu Gly Gly	Gly Asp Asp Gly Asp	
1240	1245	1250	
gca ccg ggg tca tcc	ttt ggg gtg agc gtc	gtg tcg gtg gcc ccg	4023

Ala Pro Gly Ser Ser Phe Gly Val Ser Val Val Ser Val Ala Pro	
1255 1260 1265	
ggt gtg ctg cga gac cgc cgg gtg ggc tyg cgc ccg gcg gtc aag	4068
Gly Val Leu Arg Asp Arg Arg Val Gly Xaa Arg Pro Ala Val Lys	
1270 1275 1280	
gtg gag ctg ttg tcc tcg tcc tcg tcc tcc gag gac gag gac gat	4113
Val Glu Leu Leu Ser Ser Ser Ser Ser Ser Glu Asp Glu Asp Asp	
1285 1290 1295	
gtg tgg gga ggg cgc ggg ggg agg agc ccc ccg cag agt cgg ggg	4158
Val Trp Gly Gly Arg Gly Gly Arg Ser Pro Pro Gln Ser Arg Gly	
1300 1305 1310	
tgacggagtc ccctcctttt ctcgtgagcg ccacyggcgc gcggactgtt tgtttgtttgt	4218
taataaaaa	4226

<210> 6
 <211> 1310
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (99)..(99)
 <223> The 'Xaa' at location 99 stands for Thr, or Met.

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (512)..(512)
 <223> The 'Xaa' at location 512 stands for Ala, or Val.

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (1275)..(1275)
 <223> The 'Xaa' at location 1275 stands for Ser, Leu, or Xaa.

<400> 6

Met Asp Thr Pro Pro Met Gln Arg Ser Thr Pro Gln Arg Ala Gly Ser
1 5 10 15

Pro Asp Thr Leu Glu Leu Met Asp Leu Leu Asp Ala Ala Ala Ala Ala
20 25 30

Ala Glu His Arg Ala Arg Val Val Thr Ser Ser Gln Pro Asp Asp Leu
35 40 45

Leu Phe Gly Glu Asn Gly Val Met Val Gly Arg Glu His Glu Ile Val
50 55 60

Ser Ile Pro Ser Val Ser Gly Leu Gln Pro Glu Pro Arg Thr Glu Asp
65 70 75 80

Val Gly Glu Glu Leu Thr Gln Asp Asp Tyr Val Cys Glu Asp Gly Gln
85 90 95

Asp Leu Xaa Gly Ser Pro Val Ile Pro Leu Ala Glu Val Phe His Thr
100 105 110

Arg Phe Ser Glu Ala Gly Ala Arg Glu Pro Thr Gly Ala Asp Arg Ser
115 120 125

Leu Glu Thr Val Ser Leu Gly Thr Lys Leu Ala Arg Ser Pro Lys Pro
130 135 140

Pro Met Asn Asp Gly Glu Thr Gly Arg Gly Thr Thr Pro Pro Phe Pro
145 150 155 160

Gln Ala Phe Ser Pro Val Ser Pro Ala Ser Pro Val Gly Asp Ala Ala
165 170 175

Gly Asn Asp Gln Arg Glu Asp Gln Arg Ser Ile Pro Arg Gln Thr Thr
180 185 190

Arg Gly Asn Ser Pro Gly Leu Pro Ser Val Val His Arg Asp Arg Gln
195 200 205

Thr Gln Ser Ile Ser Gly Lys Lys Pro Gly Asp Glu Gln Ala Gly His
210 215 220

Ala His Ala Ser Gly Asp Gly Val Val Leu Gln Lys Thr Gln Arg Pro
225 230 235 240

Ala Gln Gly Lys Ser Pro Lys Lys Lys Thr Leu Lys Val Lys Val Pro
245 250 255

Leu Pro Ala Arg Lys Pro Gly Gly Pro Val Pro Gly Pro Val Glu Gln
260 265 270

Leu Tyr His Val Leu Ser Asp Ser Val Pro Ala Lys Gly Ala Lys Ala
275 280 285

Asp Leu Pro Phe Glu Thr Asp Asp Thr Arg Pro Arg Lys His Asp Ala
290 295 300

Arg Gly Ile Thr Pro Arg Val Pro Gly Arg Ser Ser Gly Gly Lys Pro
305 310 315 320

Arg Ala Phe Leu Ala Leu Pro Gly Arg Ser His Ala Pro Asp Pro Ile
325 330 335

Glu Asp Asp Ser Pro Val Glu Lys Lys Pro Lys Ser Arg Glu Phe Val
340 345 350

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Trp Gly Ser Ser Ser Glu Asp Glu
355 360 365

Asp Asp Glu Pro Arg Arg Val Ser Val Gly Ser Glu Thr Thr Gly Ser
370 375 380

Arg Ser Gly Arg Glu His Ala Pro Ser Pro Ser Asn Ser Asp Asp Ser
385 390 395 400

Asp Ser Asn Asp Gly Gly Ser Thr Lys Gln Asn Ile Gln Pro Gly Tyr
405 410 415

Arg Ser Ile Ser Gly Pro Asp Pro Arg Ile Arg Lys Thr Lys Arg Leu
420 425 430

Ala Gly Glu Pro Gly Arg Gln Arg Gln Lys Ser Phe Ser Leu Pro Arg
435 440 445

Ser Arg Thr Pro Ile Ile Pro Pro Val Ser Gly Pro Leu Met Met Pro
450 455 460

Asp Gly Ser Pro Trp Pro Gly Ser Ala Pro Leu Pro Ser Asn Arg Val
465 470 475 480

Arg Phe Gly Pro Ser Gly Glu Thr Arg Glu Gly His Trp Glu Asp Glu
485 490 495

Ala Val Arg Ala Ala Arg Ala Arg Tyr Glu Ala Ser Thr Glu Pro Xaa
500 505 510

Pro Leu Tyr Val Pro Glu Leu Gly Asp Pro Ala Arg Gln Tyr Arg Ala
515 520 525

Leu Ile Asn Leu Ile Tyr Cys Pro Asp Arg Asp Pro Ile Ala Trp Leu
530 535 540

Gln Asn Pro Lys Leu Thr Gly Val Asn Ser Ala Leu Asn Gln Phe Tyr
545 550 555 560

Gln Lys Leu Leu Pro Pro Gly Arg Ala Gly Thr Ala Val Thr Gly Ser
565 570 575

Val Ala Ser Pro Val Pro His Val Gly Glu Ala Met Ala Thr Gly Glu
580 585 590

Ala Leu Trp Ala Leu Pro His Ala Ala Ala Ala Val Ala Met Ser Arg
595 600 605

Arg Tyr Asp Arg Ala Gln Lys His Phe Ile Leu Gln Ser Leu Arg Arg
610 615 620

Ala Phe Ala Gly Met Ala Tyr Pro Glu Ala Thr Gly Ser Ser Pro Ala
625 630 635 640

Ala Arg Ile Ser Arg Gly His Pro Ser Pro Thr Thr Pro Ala Thr Gln
645 650 655

Thr Pro Asp Pro Gln Pro Ser Ala Ala Ala Arg Ser Leu Ser Val Cys
660 665 670

Pro Pro Asp Asp Arg Leu Arg Thr Pro Arg Lys Arg Lys Ser Gln Pro
675 680 685

Val Glu Ser Arg Ser Leu Leu Asp Lys Ile Arg Glu Thr Pro Val Ala
690 695 700

Asp Ala Arg Val Ala Asp Asp His Val Val Ser Lys Ala Lys Arg Arg
705 710 715 720

Val Ser Glu Pro Val Thr Ile Thr Ser Gly Pro Val Val Asp Pro Pro
725 730 735

Ala Val Ile Thr Met Pro Leu Asp Gly Pro Ala Pro Asn Gly Gly Phe
740 745 750

Arg Arg Ile Pro Arg Gly Ala Leu His Thr Pro Val Pro Ser Asp Gln
755 760 765

Ala Arg Lys Ala Tyr Cys Thr Pro Glu Thr Ile Ala Arg Leu Val Asp
770 775 780

Asp Pro Leu Phe Pro Thr Ala Trp Arg Pro Ala Leu Ser Phe Asp Pro
785 790 795 800

Gly Ala Leu Ala Glu Ile Ala Ala Arg Arg Pro Gly Gly Gly Asp Arg
805 810 815

Arg Phe Gly Pro Pro Ser Gly Val Glu Ala Leu Arg Arg Arg Cys Ala
820 825 830

Trp Met Arg Gln Ile Pro Asp Pro Glu Asp Val Arg Leu Leu Ile Ile
835 840 845

Tyr Asp Pro Leu Pro Gly Glu Asp Ile Asn Gly Pro Leu Glu Ser Thr
850 855 860

Leu Ala Thr Asp Pro Gly Pro Ser Trp Ser Pro Ser Arg Gly Gly Leu
865 870 875 880

Ser Val Val Leu Ala Ala Leu Ser Asn Arg Leu Cys Leu Pro Ser Thr
885 890 895

His Ala Trp Ala Gly Asn Trp Thr Gly Pro Pro Asp Val Ser Ala Leu
900 905 910

Asn Ala Arg Gly Val Leu Leu Leu Ser Thr Arg Asp Leu Ala Phe Ala
915 920 925

Gly Ala Val Glu Tyr Leu Gly Ser Arg Leu Ala Ser Ala Arg Arg Arg
930 935 940

Leu Leu Val Leu Asp Ala Val Ala Leu Glu Arg Trp Pro Gly Asp Gly
945 950 955 960

Pro Ala Leu Ser Gln Tyr His Val Tyr Val Arg Ala Pro Ala Arg Pro
965 970 975

Asp Ala Gln Ala Val Val Arg Trp Pro Asp Ser Ala Val Thr Glu Gly
980 985 990

Leu Ala Arg Ala Val Phe Ala Ser Ser Arg Thr Phe Gly Pro Ala Ser
995 1000 1005

Phe Ala Arg Ile Glu Thr Ala Phe Ala Asn Leu Tyr Pro Gly Glu
1010 1015 1020

Gln Pro Leu Cys Leu Cys Arg Gly Gly Asn Val Ala Tyr Thr Val
1025 1030 1035

Cys Thr Arg Ala Gly Pro Lys Thr Arg Val Pro Leu Ser Pro Arg
1040 1045 1050

Glu Tyr Arg Gln Tyr Val Leu Pro Gly Phe Asp Gly Cys Lys Asp
1055 1060 1065

Leu Ala Arg Gln Ser Arg Gly Leu Gly Leu Gly Ala Ala Asp Phe
1070 1075 1080

Val Asp Glu Ala Ala His Ser His Arg Ala Ala Asn Arg Trp Gly
1085 1090 1095

Leu Gly Ala Ala Leu Arg Pro Val Phe Leu Pro Glu Gly Arg Arg
1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ala Gly Pro Glu Ala Gly Asp Val Pro Thr Trp Ala
1115 1120 1125

Arg Val Phe Cys Arg His Ala Leu Leu Glu Pro Asp Pro Ala Ala
1130 1135 1140

Glu Pro Leu Val Leu Pro Pro Val Ala Gly Arg Ser Val Ala Leu
1145 1150 1155

Tyr Ala Ser Ala Asp Glu Ala Arg Asn Ala Leu Pro Pro Ile Pro
1160 1165 1170

Arg Val Met Trp Pro Pro Gly Phe Gly Ala Ala Glu Thr Val Leu
1175 1180 1185

Glu Gly Ser Asp Gly Thr Arg Phe Ala Phe Gly His His Gly Gly
1190 1195 1200

Ser Glu Arg Pro Ala Glu Thr Gln Ala Gly Arg Gln Arg Arg Thr
1205 1210 1215

Ala Asp Asp Arg Glu His Ala Leu Glu Pro Asp Asp Trp Glu Val
1220 1225 1230

Gly Cys Glu Asp Ala Trp Asp Ser Glu Glu Gly Gly Gly Asp Asp
1235 1240 1245

Gly Asp Ala Pro Gly Ser Ser Phe Gly Val Ser Val Val Ser Val
1250 1255 1260

Ala Pro Gly Val Leu Arg Asp Arg Arg Val Gly Xaa Arg Pro Ala
1265 1270 1275

Val Lys Val Glu Leu Leu Ser Ser Ser Ser Ser Glu Asp Glu
1280 1285 1290

Asp Asp Val Trp Gly Gly Arg Gly Gly Arg Ser Pro Pro Gln Ser
1295 1300 1305

Arg Gly
1310

<210> 7
<211> 8878
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> plasmid

<400> 7
ttaattaagg ccgcagcttc ctagataact tcgtatagca tacattatac gaagttatgg 60
atctcccgcc cagcgtcttg tcattggcga actcgaacac gcagatgcag tcggggcggc 120
gcggtcccag gtccacttcg catattaagg tgacacgcgc ggctcgaac acagctgcag 180
gccatgagcg aaaaatacat cgtcacctgg gacatgttgc agatccatgc acgtaaactc 240
gcaagccgac tgatgccttc tgaacaatgg aaaggcatta ttgccgtaag ccgtggcggc 300
ctgggtaccgg gtgcgttact ggcgctgaa ctgggtattc gtcatgtcga taccgtttgt 360
atttcagct acgatcacga caaccagcgc gagcttaaag tgctgaaacg cgcagaaggc 420

gatggcgaag gcttcatcgt tattgatgac ctggtggata ccggtggtac tgcggttgcg 480
attcgtgaaa tgtatccaaa agcgcacttt gtcaccatct tcgcaaaacc ggctggtcgt 540
ccgctgggttg atgactatgt tgttgatata ccgcaagata cctggattga acagccgtgg 600
gatatgggcg tcgtattcgt cccgccaatc tccggtcgct aaccggtagc ggatcatcta 660
gacccgggta ccgttaactt gtttattgca gcttataatg gttacaaata aagcaatagc 720
atcacaaatt tcacaaataa agcatttttt tcactgcatt ctagttgtgg tttgtccaaa 780
ctcatcaatg tatcttatca tgtctggatc cccattctca tgtttgacag cttatcatcg 840
aatttctgcc attcatccgc ttattatcac ttattcaggc gtagcaacca ggcgtttaag 900
ggcaccaata actgccttaa aaaaattacg ccccgccctg ccactcatcg cagtactgtt 960
gtaattcatt aagcattctg ccgacatgga agccatcaca gacggcatga tgaacctgaa 1020
tcgccagcgg catcagcacc ttgtcgcctt gcgtataata ttgccccatg gtgaaaacgg 1080
gggcaagaa gttgtccata ttggccacgt ttaaataaaa actggtgaaa ctcacccagg 1140
gattggctga gacgaaaaac atattctcaa taaacccttt agggaatatag gccaggtttt 1200
caccgtaaca cgccacatct tgcgaatata tgtgtagaaa ctgccggaaa tcgtcgtggt 1260
attcactcca gagcgaatga aacgtttcag tttgctcatg gaaaacggtg taacaagggt 1320
gaacactatc ccataatcacc agtcaccgt ctttcattgc catacggaaat tccggatgag 1380
cattcatcag gcgggcaaga atgtgaataa aggccggata aaacttgtgc ttatTTTTct 1440
ttacggtctt taaaaaggcc gtaatatcca gctgaacggt ctggttatag gtacattgag 1500
caactgactg aaatgcctca aaatgttctt tacgatgcca ttgggatata tcaacggtgg 1560
tatatccagt gatTTTTtcc tccatttttag cttccttagc tcctgaaaat ctcgataact 1620
caaaaaatac gcccggtagt gatcttattt cattatggtg aaagtggaa cctcttacgt 1680
gccgatcaac gtctcatttt cgccaaaagt tggcccagggt cttcccggta tcaacaggga 1740
caccaggatt tatttattct gcgaagtgat cttccgtcac aggtatttat tcgcgataag 1800
ctcatggagc ggcgtaaccg tcgcacagga aggacagaga aagcgcggtat ctgggaagtg 1860
acggacagaa cggtcaggac ctggattggg gaggcggttg ccgccgctgc tgctgacggt 1920

gtgacgttct ctgttccggt cacaccacat acgttccgcc attcctatgc gatgcacatg 1980
ctgtatgccg gtataccgct gaaagtcttg caaagcctga tgggacataa gtccatcagt 2040
tcaacggaag tctacacgaa ggttttttgcg ctggatgtgg ctgcccggca ccgggtgcag 2100
tttgcgatgc cggagtctga tgcggttgcg atgctgaaac aattatcctg agaataaatg 2160
ccttggcctt tatatggaaa tgtggaactg agtggatatg ctgtttttgt ctgttaaaca 2220
gagaagctgg ctgttatcca ctgagaagcg aacgaaacag tcgggaaaat ctcccattat 2280
cgtagagatc cgcattatta atctcaggag cctgtgtagc gtttatagga agtagtggtc 2340
tgtcatgatg cctgcaagcg gtaacgaaaa cgatttgaat atgccttcag gaacaataga 2400
aatcttcgtg cgggtgttacg ttgaagtgga gcggattatg tcagcaatgg acagaacaac 2460
ctaatgaaca cagaaccatg atgtggtctg tccttttaca gccagtaggc tcgccgcagt 2520
cgagcgacgg cgaagccctc gagtgagcga ggaagcacca gggaacagca cttatatatt 2580
ctgcttacac acgatgcctg aaaaaacttc ccttgggggtt atccacttat ccacggggat 2640
atttttataa ttattttttt tatagttttt agatcttctt ttttagagcg ccttgttaggc 2700
ctttatccat gctggttcta gagaaggtgt tgtgacaaat tgccctttca gtgtgacaaa 2760
tcaccctcaa atgacagtcc tgtctgtgac aaattgccct taaccctgtg acaaattgcc 2820
ctcagaagaa gctgtttttt cacaaagtta tccctgctta ttgactcttt tttatttagt 2880
gtgacaatct aaaaacttgt cacacttcac atggatctgt catggcggaa acagcggtta 2940
tcaatcacia gaaacgtaaa aatagcccgc gaatcgtcca gtcaaacgac ctactgagg 3000
cggcatatag tctctcccgg gatcaaaaac gtatgctgta tctgttcgtt gaccagatca 3060
gaaaatctga tggcacccta caggaacatg acggtatctg cgagatccat gttgctaaat 3120
atgctgaaat attcggattg acctctgcgg aagccagtaa ggatatacgg caggcattga 3180
agagtttcgc ggggaaggaa gtggtttttt atcgccctga agaggatgcc ggcgatgaaa 3240
aaggctatga atcttttcct tggtttatca aacgtgcgca cagtccatcc agagggtttt 3300
acagtgtaca tatcaacca tatctattc ctttctttat cgggttacag aaccggttta 3360
cgcagtttcg gcttagtgaa acaaagaaa tcaccaatcc gtatgccatg cgtttatacg 3420

aatccctgtg tcagtatcgt aagccggatg gctcaggcat cgtctctctg aaaatcgact 3480
ggatcataga gcgttaccag ctgcctcaaa gttaccagcg tatgcctgac ttccgccgcc 3540
gcttcctgca ggtctgtgtt aatgagatca acagcagaac tccaatgcgc ctctcataca 3600
ttgagaaaaa gaaaggccgc cagacgactc atatcgtatt ttccttcgcg gatatacatt 3660
ccatgacgac aggatagtct gagggttatc tgtcacagat ttgagggtgg ttcgtcacat 3720
ttgttctgac ctactgaggg taatttgtca cagttttgct gtttccttca gcctgcatgg 3780
atcttctcat actttttgaa ctgtaatttt taaggaagcc aaatttgagg gcagtttgtc 3840
acagttgatt tccttctctt tcccttcgtc atgtgacctg atatcggggg ttagttcgtc 3900
atcattgatg agggttgatt atcacagttt attactctga attggctatc cgcgtgtgta 3960
cctctacctg gagtttttcc cacgggtgat atttcttctt gcgctgagcg taagagctat 4020
ctgacagaac agttcttctt tgcttcctcg ccagttcgtc cgctatgctc ggttacacgg 4080
ctgcggcgag cgctagtgat aataagtac tgaggatatgt gctcttctta tctccttttg 4140
tagtgttgct cttatittta acaactttgc gggtttttga tgactttgcg attttgttgt 4200
tgctttgcag taaattgcaa gatttaataa aaaaacgcaa agcaatgatt aaaggatgtt 4260
cagaatgaaa ctcatggaaa cacttaacca gtgcataaac gctggtcatg aaatgacgaa 4320
ggctatcgcc attgcacagt ttaatgatga cagcccggaa gcgaggaaaa taaccggcg 4380
ctggagaata ggtgaagcag cggatttagt tggggtttct tctcaggcta tcagagatgc 4440
cgagaaagca gggcgactac cgcacccgga tatggaaatt cgaggacggg ttgagcaacg 4500
tgttggttat acaattgaac aaattaatca tatgcgtgat gtgtttggta cgcgattgcg 4560
acgtgctgaa gacgtatttc caccggtgat cggggttgct gcccataaag gtggcgttta 4620
caaaacctca gtttctgttc atcttgctca ggatctggct ctgaaggggc tacgtgtttt 4680
gctcgtggaa ggtaacgacc cccagggaac agcctcaatg tatcacggat gggtagcaga 4740
tcttcatatt catgcagaag acactctcct gcctttctat cttggggaaa aggacgatgt 4800
cacttatgca ataaagccca cttgctggcc ggggcttgac attattcctt cctgtctggc 4860
tctgcaccgt attgaaactg agttaatggg caaatttgat gaaggtaaac tgcccaccga 4920

tccacacctg atgctccgac tggccattga aactgttgct catgactatg atgtcatagt 4980
tattgacagc ggcctaacc tgggtatcgg cacgattaat gtcgtatgtg ctgctgatgt 5040
gctgattgtt cccacgcctg ctgagttgtt tgactacacc tccgcactgc agtttttcga 5100
tatgcttcgt gatctgctca agaacgttga tcttaaaggg ttcgagcctg atgtacgtat 5160
tttgcttacc aaatacagca atagtaatgg ctctcagtcc ccgtggatgg aggagcaaata 5220
tcgggatgcc tggggaagca tggttctaaa aaatgttgta cgtgaaacgg atgaagttgg 5280
taaaggctcag atccggatga gaactgtttt tgaacaggcc attgatcaac gctcttcaac 5340
tggtgcctgg agaaatgctc tttctatttg ggaacctgtc tgcaatgaaa ttttcgatcg 5400
tctgattaaa ccacgctggg agattagata atgaagcgtg cgcctgttat tccaaaacat 5460
acgctcaata ctcaaccgtt tgaagatact tcgttatcga caccagctgc cccgatgggtg 5520
gattcggtta ttgcgcgcgt aggagtaatg gctcgcggta atgccattac tttgcctgta 5580
tgtggtcggg atgtgaagtt tactcttgaa gtgctccggg gtgatagtgt tgagaagacc 5640
tctcgggtat ggtcaggtta tgaacgtgac caggagctgc ttactgagga cgcactggat 5700
gatctcatcc cttcttttct actgactggg caacagacac cggcgttcgg tcgaagagta 5760
tctgggtgtca tagaaattgc cgatgggagt cgccgtcgta aagctgctgc acttaccgaa 5820
agtgattatc gtgttctggg tggcgagctg gatgatgagc agatggctgc attatccaga 5880
ttgggtaacg attatcgccc aacaagtgtt tatgaacgtg gtcagcggtta tgcaagccga 5940
ttgcagaatg aatttgctgg aaatatctt gcgctggctg atgcggaaaa tatttcacgt 6000
aagattatta cccgctgtat caacaccgcc aaattgccta aatcagttgt tgctcttttt 6060
tctcaccctg gtgaactatc tgcccgggtc ggtgatgcac ttcaaaaagc ctttacagat 6120
aaagaggaat tacttaagca gcaggcatct aaccttcagt agcagaaaaa agctgggggtg 6180
atatttgaag ctgaagaagt taccactctt ttaacttctg tgcttaaaac gtcactctgca 6240
tcaagaacta gttaagctc acgacatcag ttgctcctg gagcgacagt attgtataag 6300
ggcgataaaa tgggtgctta cctggacagg tctcgtgttc caactgagtg tatagagaaa 6360
attgaggcca ttcttaagga acttgaaaag ccagcaccct gatgcgacca cgtttttagtc 6420

tacgtttatc tgtctttact taatgtcctt tgttacaggc cagaaagcat aactggcctg 6480
aatattctct ctgggccac tgttccactt gtatcgtcgg tctgataatc agactgggac 6540
cacggtccca ctcgtatcgt cggctctgatt attagtctgg gaccacggtc ccactcgtat 6600
cgtcggctctg attattagtc tgggaccacg gtcccactcg tatcgtcggg ctgataatca 6660
gactgggacc acgggtccac tcgtatcgtc ggtctgatta ttagtctggg accatgggtcc 6720
cactcgtatc gtcggctctga ttattagtct gggaccacgg tcccactcgt atcgtcggtc 6780
tgattattag tctggaacca cgggtccact cgtatcgtcg gtctgattat tagtctggga 6840
ccacgggtccc actcgtatcg tcggctctgat tattagtctg ggaccacgat cccactcgtg 6900
ttgtcggctct gattatcggg ctgggaccac ggtcccactt gtattgtcga tcagactatc 6960
agcgtgagac tacgattcca tcaatgcctg tcaagggcaa gtattgacat gtcgtcgtaa 7020
cctgtagaac ggagtaacct cgggtgtcgg ttgtatgcct gctgtggatt gctgctgtgt 7080
cctgcttata cacaacattt tgcgcacggg tatgtggaca aaatacctgg ttacccaggc 7140
cgtgccggca cgtaaccgg gctgcatccg atgcaagtgt gtcgtgtcg agtttaaaca 7200
tgcatagtta ttaatagtaa tcaattacgg ggtcattagt tcatagcca tatatggagt 7260
tccgcgttac ataacttac gtaaattggc cgcttggtg accgccaac gacccccgcc 7320
cattgacgtc aataatgacg tatgttccca tagtaacgcc aatagggact ttccattgac 7380
gtcaatgggt ggagtattta cggtaaactg cccacttggc agtacatcaa gtgtatcata 7440
tgccaagtac gccccctatt gacgtcaatg acggtaaattg gccgcctgg cattatgccc 7500
agtacatgac cttatgggac tttcctactt ggcagtacat ctacgtatta gtcacgcta 7560
ttaccatggt gatgcggttt tggcagtaca tcaatgggcg tggatagcgg tttgactcac 7620
ggggatttcc aagtctccac ccattgacg tcaatgggag tttgttttg caccaaaatc 7680
aacgggactt tccaaaatgt cgtaacaact ccgccccatt gacgcaaatt ggcggtaggc 7740
gtgtacgggtg ggaggtctat ataagcagag ctggtttagt gaaccgtcag atccgctagc 7800
gctaccggtc gccaccatgg tgagcaaggg cgaggagctg ttcaccgggg tgggtgcccac 7860
cctggtcgag ctggacggcg acgtaaacgg ccacaagttc agcgtgtccg gcgagggcga 7920

gggcgatgcc acctacggca agctgaccct gaagttcatc tgcaccaccg gcaagctgcc 7980
cgtgccctgg cccaccctcg tgaccaccct gacctacggc gtgcagtgtc tcagccgcta 8040
ccccgaccac atgaagcagc acgacttctt caagtccgcc atgcccgaag gctacgtcca 8100
ggagcgcacc atcttcttca aggacgacgg caactacaag acccgcgccg aggtgaagtt 8160
cgagggcgac accctgggtga accgcatcga gctgaagggc atcgacttca aggaggacgg 8220
caacatcctg gggcacaagc tggagtacaa ctacaacagc cacaacgtct atatcatggc 8280
cgacaagcag aagaacggca tcaaggtgaa cttaagatc cgccacaaca tcgaggacgg 8340
cagcgtgcag ctgcccgacc actaccagca gaacaccccc atcggcgacg gccccgtgct 8400
gctgcccgac aaccactacc tgagcaccca gtccgccctg agcaaagacc ccaacgagaa 8460
gcgcgatcac atggtcctgc tggagttcgt gaccgccgcc gggatcactc tcggcatgga 8520
cgagctgtac aagtccggac tcagatccac cggatctaga taactgatca taatcagcca 8580
taccacattt gtagaggttt tacttgcttt aaaaaacctc ccacacctcc ccctgaacct 8640
gaaacataaa atgaatgcaa ttgttgttgt taacttgttt attgcagctt ataatggtta 8700
caaataaagc aatagcatca caaatctcac aaataaagca tttttttcac tgcattctag 8760
ttgtggtttg tccaaactca tcaatgtatc ttaaatggcc gcataacttc gtatagcata 8820
cattatacga agttatctag cagatctgaa ttcgatatca agctgcggcc ttaattaa 8878

<210> 8
<211> 124884
<212> DNA
<213> Varicella zoster

<220>
<221> CDS
<222> (1134)..(1850)

<220>
<221> CDS
<222> (8607)..(9386)

<220>
<221> CDS

<222> (10642)..(10902)

<220>

<221> CDS

<222> (11009)..(11917)

<220>

<221> CDS

<222> (12160)..(13392)

<220>

<221> CDS

<222> (13590)..(16049)

<220>

<221> CDS

<222> (16214)..(18199)

<220>

<221> CDS

<222> (18441)..(19346)

<220>

<221> CDS

<222> (24149)..(25516)

<220>

<221> CDS

<222> (30759)..(33875)

<220>

<221> CDS

<222> (34083)..(42374)

<220>

<221> CDS

<222> (44506)..(46263)

<220>

<221> CDS

<222> (50857)..(54471)

<220>

<221> CDS

<222> (54651)..(56963)

<220>

<221> CDS

<222> (57008)..(59614)

<220>
<221> CDS
<222> (59766).. (60197)

<220>
<221> CDS
<222> (64807).. (65832)

<220>
<221> CDS
<222> (66074).. (68599)

<220>
<221> CDS
<222> (70633).. (71355)

<220>
<221> CDS
<222> (71540).. (75730)

<220>
<221> CDS
<222> (75847).. (76797)

<220>
<221> CDS
<222> (78170).. (80200)

<220>
<221> CDS
<222> (80360).. (81451)

<220>
<221> CDS
<222> (82719).. (83318)

<220>
<221> CDS
<222> (84667).. (86322)

<220>
<221> CDS
<222> (87881).. (90388)

<220>
<221> CDS
<222> (90493).. (92808)

<220>
<221> CDS

<222> (95996)..(98641)

<220>

<221> CDS

<222> (110581)..(111417)

<220>

<221> CDS

<222> (111565)..(112107)

<220>

<221> CDS

<222> (113037)..(114218)

<220>

<221> CDS

<222> (114496)..(115560)

<220>

<221> CDS

<222> (115808)..(117679)

<220>

<221> CDS

<222> (120764)..(124696)

<400> 8

```
aggccagccc tctcgcggcc ccctcgagag agaaaaaaaa aagcgacccc acctccccgc      60
gcgtttgcgg ggcgaccatc ggggggggatg ggattttttg ccgggaaacc ccccccgcc      120
agcctttaac aaaaccgcg ccttttgcgt ccaccctcg tttactgctc ggatggcgac      180
cgtgcactac tcccgccgac ctgggacccc gccggtcacc ctcacgtcgt cccccagcat      240
ggatgacgtt gcgaccccca tcccctacct accacatac gccgaggccg tggcagacgc      300
gccccccct tacagaagcc gcgagagtct ggtgttctcc ccgcctcttt ttcctcacgt      360
ggagaatggc accaccaac agtcttacga ttgcctagac tgcgcttatg atggaatcca      420
cagacttcag ctggcttttc taagaattcg caaatgctgt gtaccggctt ttttaattct      480
ttttggtatt ctcaccctta ctgctgtcgt ggtcgccatt gttgccgttt ttcccgagga      540
acctccaac tcaactacat gaaactactg tccggaaggg gaaggtatth attctcgctt      600
gcagcttgct gcgcgtgtat gcacaacaaa agctatatat gtcaccaaag ccaacgtcgc      660
catctggagt actacacca gtacgttgca taacctgtcc atttgcatth tcagttgcgc      720
```


ggacgccttt ctccgggatac gtggccttgg gacatcaacc agtggaataa gaaccgccgg 780
 tggctcttggt tgaacgacga gtggcgacgc gttgttctgc ataagctctg tatgctgata 840
 cataaacaca gagtctgtat cgctatcaga ttcccgaaca ctttccggta ccccatactc 900
 cgataccctg gacattgcgg atccccaaaa tataatatta acaggatttg cttatacttt 960
 gctacagctt atataaattt atgtgcgata catcttaagt gcatccgtac gttattttata 1020
 cattgcctgt cacgtgaaaa gactgtgtta cccaataaag gttctacaaa aaatgcttta 1080
 ttgggtgttt gtttaatagc tattatcgta acccaccccc gtaaaatcat aaa atg 1136
 Met
 1
 cat gta att tct gag aca ctt gca tat ggg cat gtt ccc gca ttt att 1184
 His Val Ile Ser Glu Thr Leu Ala Tyr Gly His Val Pro Ala Phe Ile
 5 10 15
 atg ggc tcc act ctg gtg cgt ccc agt tta aac gcc acc gcc gag gaa 1232
 Met Gly Ser Thr Leu Val Arg Pro Ser Leu Asn Ala Thr Ala Glu Glu
 20 25 30
 aat ccc gcg tca gaa acg cga tgt tta tta cga gtg ctt gcg ggg aga 1280
 Asn Pro Ala Ser Glu Thr Arg Cys Leu Leu Arg Val Leu Ala Gly Arg
 35 40 45
 act gta gac ctg cca ggc gga gga acg tta cac att acc tgt acc aaa 1328
 Thr Val Asp Leu Pro Gly Gly Gly Thr Leu His Ile Thr Cys Thr Lys
 50 55 60 65
 acc tat gta att att ggc aaa tat agc aaa ccc ggc gaa cgt ctt agc 1376
 Thr Tyr Val Ile Ile Gly Lys Tyr Ser Lys Pro Gly Glu Arg Leu Ser
 70 75 80
 ctt gcc cgt cta ata ggg cgt gca atg acg cct gga ggt gca agg aca 1424
 Leu Ala Arg Leu Ile Gly Arg Ala Met Thr Pro Gly Gly Ala Arg Thr
 85 90 95
 ttt att att ttg gcg atg aag gaa aag cga tcc aca acg ctt ggg tat 1472
 Phe Ile Ile Leu Ala Met Lys Glu Lys Arg Ser Thr Thr Leu Gly Tyr
 100 105 110
 gaa tgt ggt acg ggc ttg cat tta ctg gct cca tct atg ggt aca ttt 1520
 Glu Cys Gly Thr Gly Leu His Leu Leu Ala Pro Ser Met Gly Thr Phe
 115 120 125
 ctc cgc aca cac ggt tta agt aac aga gat ctc tgt tta tgg cgg ggt 1568

出証特 2 0 0 5 - 3 0 3 5 3 8 5

ccacaatatt acatTTTTat tagtctTTtta ttaatataga atcacataaa caattgataa 2630
aatcaagggg tggtgtataa tgattaaaaa tataaattga tatgtTTTtac aagcatgaaa 2690
taggtatttta ctattctaac aggtaaatat gcttaatgat taaaaataca aattagtatg 2750
TTTTgacaag catgaaaaag gtattTTTTa ttttagcagt taaaggTact acacttaaaa 2810
tatttaccgt atggacgggc gtcagaaaga tgcccggccc aagttgagag ggtacattca 2870
acacgaccac actcgcttg gtgggtgatt agggcctcta aaacaccggc cagacatgac 2930
ccgggtgtat attcttGtaa cacttgaacg ttacaactga tatcatcata ttccacaaat 2990
ttagagccac ggacaactat attagcaatg cgggcaatca taacaaacat ataagtagta 3050
atacacgtga tatcactaaa acgttgctgg cgcaacagtt cggggagagt acgagacccc 3110
aaatcgttgt ccctgtttag aagaagacat cttacaaaag gcccagctt taactttaaa 3170
ttctccaaaa gtgacttca ggttgcaaca atgggattat ttgtgtagat gggcaagttt 3230
tttgccgcta acattttaat ccacgttaac agttcatccg cagactccaa cgcttcaatc 3290
aaagattctc cacgtatgac tctctcacgc aacgcgcggg caatacgtga gtccatttta 3350
tatgactcaa aggtacgata aagttcatgt ccgtacaaca tcaactccgg ccaagatgtg 3410
TTTTgtTTta tccccgaaa acatccaccg gaagcccatg aatcacctc ttgtattgtg 3470
gcatatcgga ctaccagttt ttcaattggt tcatctaaat ggcgtaccga gtcaatggtc 3530
acgctggctc ccgcggtgga gacgacttca atagcacggc ccgtaattcg atcgaccggg 3590
atatcatact cttttcgaat acgctctcgg cgggcgtctc tcttgaaaaa tcgcaacctg 3650
tacgattcgt catgtgtctg atcatttctt tctcccgtgg tcattgcagg aggcgttgta 3710
ggacgccgtc ttcgatttga cagggatcga tcacggtggt ttcttgaact ttgagtgtta 3770
taagatctgg atgatcgtcg atgtccccgt tcgatgcgtg cataatccagt ctccacgtct 3830
cttcctccat gatggtttga atcgggtaat acaacaacca aagttttcgg gcgattgtgg 3890
tggtagcttt cacgccttcc gtgccttcgt ttggaatacc gtggattata tgctgtatct 3950
gcagtacgct ccacatacac agttctagac gttgtggagt cctcgcctgg agtggagcca 4010
atagcttcat catttgccca atcggtgact tccaatgcaa agtcatccga aggttcgtct 4070

ggtagcaaat tcataaagtc ttacaaaata gtagacacgt ctgggtcggg tggaattgaa 4130
gcagaggcca tggctgcaaa atatctgaca attgcgtgtt tgcagttgcc tgtatcttcc 4190
gccaatgttg tagaatttat aggctcacc aaccccgcaa tgggcgtgtt tagtcacatg 4250
attaatgctt ctgggagttt tcactttccc caaacaagct tacctgcacc ctttgttcgt 4310
aatgcataaa aataaccact gctatagcaa atatgacgat ataaaaacat tttatagcaa 4370
ggccggacat tactgtagcg caacatgttg tgcataatcc acgtattccc cccgtattga 4430
tatgatttaa atgattatcc ttggttggtt ttggtctaac ataagatata agctctacta 4490
tagcgagcgt gcatacaaca acccaggcca gaatccgaat gtatgtgggg tataataacg 4550
cgcatggtgt atatgcaacg ccaagcgta aaagcacaat acatccagat gatatatgag 4610
cgataacctc caaaagcatc aataacgtaa cacctttatg catatataaa aaacttatag 4670
ggtcagcatt aaatacttta ctcataccat cccgtcgcgt ggaaacatca cataacaacc 4730
ttgccaaactt tgtatatggg taaccaagaa gaatgttcga aataacccgt gttacgtaat 4790
tcagtgaata tgatgtgggg gatattaact cacaggatga tcggaatggc ccaaacatac 4850
gacgtattcg tcgaaattgt aaatacatac catatacaaa ccatgcaaaa aaaatcattt 4910
ttagctgcac gcaccaaaaa taagcgtgac aattacgtgt tcccagaaca attcgaattt 4970
tgtcatgcaa aggtgtagaa atagcggttt ttaccatagt atctcctgat aatagatttt 5030
cccggcagct gtaatcgtat ccagataggc catccaaaaa cgttgagtgg ttacaaaacg 5090
ttacatatat aagagagttg ttataagacc ccatacaac cgggtccacca ttaatcaccg 5150
tggttgcata cacacactca tgttcaaact ttacacgagc ggtataccat agggtaaaaa 5210
cagcatgtcc gctaagtaga cacataatta taaaatgttc tgtcttgatt cctaaagcct 5270
gcatgaccgg tggaagatgg caattcaagc acgatgtagt atcacacggg tgggtgtaac 5330
tcgaagttaa atttggataa ttaggtactt ctagagtaaa gattgtatgc atgcgattgc 5390
tatcgcactt tntagcaaaa cattgttgtg caagcgaaat acacaaacgg ttgtgatgat 5450
ccactcgcag agacacaaat gtccgggggag ccgttcttcc tccgcgatgg ggatatcgaa 5510
gacaagtgaa cccttttgtt ccgcataatga gctgaaataa caccagtcct cttttgatgg 5570

cgatacactt tgatgatgtt aaggtatatt cgcgatcacg cccggggaaa tgaacagcaa 5630
tatgctccac aatagattct aatattgtgc tgtcgacaaa ggcctccagt gtaaattgcgt 5690
ccagacaagt taccgccgc tcttttagag cctttgttaa agatatttgc ggggagctaa 5750
atatttgttt attacgcgca accttacgtt caaaaaactc tgcgtattcc cccccaaggt 5810
tatgtaaaat aaattgcact ggaacattcg actgcggtct tgaatgaaaa tgaaagtittg 5870
ccgggtttct atgtgatgtc acaaacgcta atatatcaat aactgctca ggtacaacat 5930
aaaatgggag tagttgtcca accgccgtcc ctgtggttgt tactttggag aaaaaaggca 5990
gtcttaaact atgtccgtgg ctataaacac cagtatctat aaacgaaaag tcccgtaaat 6050
acggaccaat atattcaaca aattcccggt ccagcaacac cgcttgctgt aatatttgtg 6110
caaaccctt taaagtggaa gacccacta acgcataggg atttgggatt ggtacgcata 6170
ccctgaaacc tattttctct ttacagttac agggtagagt ttcattgcaag ttttcattgt 6230
ttgatacatc ggcgtgtgta tggacttcag acgttgtctg tgtatcaaaa aaccatacat 6290
cctctgtata attctcttct acacacgtgt ataattcgcc attttctatg taaaaatcga 6350
tgtcagaatg gctggttata tccaataaat tatcatcatc caacacctca acggtagggt 6410
caggacatgc agttttataa aaataacatg ggtctttgtt agggtttacc acggcctttg 6470
gaaaaagtaa ttgcatggcc gttaaaatac catgacgaaa tgctcgcacg ccggcatgta 6530
aaatacccaa tgggatgggt tttcttataat gaaagtctac atcaagtatg aggtttgtga 6590
ttataagatt tgtattaaat agctcattcc tgtttatata aagctgatct ttgggtatgt 6650
ttgatgaaat tttagaaacg tttttaacag acgtagataa tagtaaagtc aactgcatat 6710
ctcgtagtga agcggcaaca aaattacatg gattaatttg ttttaagggtcc tccgcaatta 6770
atcgagcctc gtgcggtaaa gtgtaacggt ttgttattga tgaccacgta tcattagcaa 6830
taacagcaaa tgcttgggcg ccgtgaggca aggctacccg atatacaggc attgggtccag 6890
ttacctcaga atggccgatg agggcttcta atggagtttt ataactcagg atggatacat 6950
catgtgtggc tatcccagtg gcagcagaga aaaacagtaa tagttttgta atccccgggc 7010
tcgtatcaaa accagtacga ccactttggt taggtgtatc gtttgcaaag ttggctgctc 7070

gtaacgcctc cgcggaacaa cccgaatcct caaaattaga caattcgtca aaaccgggtg 7130
gatttgaggg aatagtggag gaccatccat atggactaaa ttgtttttca atgttttcca 7190
cacgacgagt tagcgttgta gctaggtcac atacgcctat aaacttgcta ggttttgcgg 7250
catacgtaag acttaaagta tatgttttag taattgtata tttatgtcca atctcaggtc 7310
caagttcagt gacatcacia attacgttct tttttatata gtcacgcatg ttgagacgag 7370
aacgtacatg attaaaaaaaa ttagcagtag ctctttttcc caggttggat gattttaaga 7430
ggaccggttt attcacaaaa tctgagtatg taaccgcttg taggtgggtct gcgactctgtt 7490
tccgattgaa acattcaaaa tgtgccagat aaatataatc aacaaattca cggctctggaa 7550
ctttaaggcc ttttctatcg ttggtaatat actccgatac tgcgtgtatt tccgttgtgt 7610
ctgtatgtat tcgctgtaaa atgtacgata gagcattttt ggctgtcaaa cctcgtgtat 7670
atgttgagga acaacaaaac atggaaagt tttcaaaaaga caacaagtcc gaaatattgt 7730
accactaca attaggtaat gccgggactt ggtaagttaa aaacaaatct ttaattgcct 7790
gtaagtcata taaggggggtt tccaacgtat tgtaacttgt gtccgtttgt aacaagtaat 7850
agcgtgtagc caacactagc gttttttcag aggggtccaaa tcgaacaata taccaaaacg 7910
gcgagcatcc atacccccag tagagtcgtc gatatgcagc caatacttga cgttcgtaat 7970
gggcatataa tgatgttagc tcctgacgac caacggattt tttaactaac ttgcagagtg 8030
ttgcctctgt gatgcatagg ccgttgtccg ataatccctt tcgggtttaa tgggtgtgtg 8090
ttaccatcag agtttgtata acttccgagt gaatgtcaaa cgtctccgat atacataggg 8150
tatcagatat tatatgcgga tttaggggtg ctccatacca taacgcctta tataaagctt 8210
taaaatcagt ttgggtttta aaacaacaaa aaaatatagg ccagaccggg gatcgtacat 8270
ctccagttga aaatccacca attaaataaa aaataacgtt gacgtcccta ctacaaaata 8330
aatgcattat ttggttttct tcatcgtttt cagttacttc acgtgggcgt ttagttggga 8390
ttacttgcgt gatctcttcc ctcccatitt tgacaaaagac gtcactaag tcgggagtcc 8450
aagtataact caccacatac agaggttctg tgcttatctg cccggttaagc aacaacagcg 8510
agtgggagat tgcacatccc tttgtggcaa ataataaccg aatcgtcggg ttggaggatt 8570

tatccatagt tcaatacgtt ggaaagccag tcaatc	atg cag acg gtg tgt gcc	8624
	Met Gln Thr Val Cys Ala	
	240	
agc tta tgt gga tat gct cga ata cca act gaa gag cca tct tat gaa	8672	
Ser Leu Cys Gly Tyr Ala Arg Ile Pro Thr Glu Glu Pro Ser Tyr Glu		
245 250 255 260		
gag gtg cgt gta aac acg cac ccc caa gga gcc gcc ctg ctc cgc ctc	8720	
Glu Val Arg Val Asn Thr His Pro Gln Gly Ala Ala Leu Leu Arg Leu		
265 270 275		
caa gag gct tta acc gct gtg aat gga tta ttg cct gca cct cta acg	8768	
Gln Glu Ala Leu Thr Ala Val Asn Gly Leu Leu Pro Ala Pro Leu Thr		
280 285 290		
tta gaa gac gta gtc gct tct gca gat aat acc cgt cgt ttg gtc cgc	8816	
Leu Glu Asp Val Val Ala Ser Ala Asp Asn Thr Arg Arg Leu Val Arg		
295 300 305		
gcc cag gct ttg gcg cga act tac gct gca tgt tct cgt aac att gaa	8864	
Ala Gln Ala Leu Ala Arg Thr Tyr Ala Ala Cys Ser Arg Asn Ile Glu		
310 315 320		
tgt tta aaa cag cac cat ttt act gaa gat aac ccc ggt ctt aac gcc	8912	
Cys Leu Lys Gln His His Phe Thr Glu Asp Asn Pro Gly Leu Asn Ala		
325 330 335 340		
gtg gtc cgt tca cac atg gaa aac tca aaa cgg ctt gct gat atg tgt	8960	
Val Val Arg Ser His Met Glu Asn Ser Lys Arg Leu Ala Asp Met Cys		
345 350 355		
tta gct gca att acc cat ttg tat tta tcg gtt ggc gcg gtg gat gtt	9008	
Leu Ala Ala Ile Thr His Leu Tyr Leu Ser Val Gly Ala Val Asp Val		
360 365 370		
act acg gat gat att gtc gat caa acc ctg aga atg acc gct gaa agt	9056	
Thr Thr Asp Asp Ile Val Asp Gln Thr Leu Arg Met Thr Ala Glu Ser		
375 380 385		
gaa gtg gtc atg tct gat gtt gtt ctt ttg gag aaa act ctt ggg gtc	9104	
Glu Val Val Met Ser Asp Val Val Leu Leu Glu Lys Thr Leu Gly Val		
390 395 400		
gtt gct aaa cct cag gca tcg ttt gat gtt tcc cac aac cat gaa tta	9152	
Val Ala Lys Pro Gln Ala Ser Phe Asp Val Ser His Asn His Glu Leu		
405 410 415 420		
tct ata gct aaa ggg gaa aat gtg ggt tta aaa aca tca cct att aaa	9200	

Ser Ile Ala Lys Gly Glu Asn Val Gly Leu Lys Thr Ser Pro Ile Lys	
425	430
435	
tcg gag gcg aca caa tta tct gaa att aaa ccc cca ctt ata gaa gta	9248
Ser Glu Ala Thr Gln Leu Ser Glu Ile Lys Pro Pro Leu Ile Glu Val	
440	445
450	
tcg gat aat aac aca tct aac cta aca aaa aaa acg tat ccg aca gaa	9296
Ser Asp Asn Asn Thr Ser Asn Leu Thr Lys Lys Thr Tyr Pro Thr Glu	
455	460
465	
act ctt cag ccc gtg ttg acc cca aaa cag acg caa gat gta caa cgc	9344
Thr Leu Gln Pro Val Leu Thr Pro Lys Gln Thr Gln Asp Val Gln Arg	
470	475
480	
aca acc ccc gcg atc aag aaa tcc cat gtt atg ctt gta taa	9386
Thr Thr Pro Ala Ile Lys Lys Ser His Val Met Leu Val	
485	490
495	
atattgaaat aaaaactaaa aacgtttctg gtgtatgttt ttattttgta tataaaatta	9446
aaacattgct ggctggcgtg gttattacat ttaatgtttt agtagaaaat cgacatcggt	9506
tgtttcttta tcagttgaac caaatccacg cgttccccgt tcgctgggtg tggctattag	9566
atctaacgtt ttagtaaaat accattgtac acccggtatg ccacatttac cgcggatagc	9626
ataaggaaat gcaatattac ttaaaacgtt gtgttttaag tgtatttggg tgttgtgatc	9686
tattaacagg acctgtgcaa gacgatctcc cgtttttata cgatgtcat caccctgag	9746
attatatacg tagaatttac agtgttctcc tgcaggccat gccgttggac acacgataat	9806
gcctgatcgg cttttcgatg atcttccaaa aatataagcg tttatactcg gatgttgtaa	9866
gtcccagtct cttataatcg gtaagacaat tttataaat tcattccttt ttaaataatag	9926
gttatatggt acacaaatat catatcccgc gtcttcttgg cgttttggat tgatgatatg	9986
tttgtaggtt aagggaacat cgatatggta ttctgcagaa tccctatgta aagggtgccc	10046
ctgctgtacc gtggaaatat cagcaaattc aggtataacg ggttttcat aatttgacgg	10106
cgagtttgat aagggttgaa cttgtatcga tttaaaaatt ggatccagat gtttaagaac	10166
gttttttggg agaaggcgac tttgtcttaa ttttaccggg aacaagtaga ttgttaaagt	10226
tccgggtaaa ataacgggta ctcttgccg gtaatacaaa agggctgaaa ttactcctct	10286
gtaaccgcga tcaataactc cgttggcgac aaaaaattg tcttcatcag caagggcagt	10346

atctttgcat tgaattaaca acagtgcgta ttcatggga ggccgcgact taaccaacag 10406
 ctccaactgc tgcataataa aaccgccccg tggtacagat ttttcagatg gcagttcgag 10466
 tttcttgtgg ttccggagta acaacggttg atgtcgactt actttatcgt ctaacacgca 10526
 ttgcagcgta tctgcacatt caggttgaac ttctattaaa attgtatcct ttaaaccaccg 10586
 attcggaata gtttggctac aaaacatatc acctgtatct actgccgttt ccaag atg 10644
 Met

gga tca att acc gct tcg ttc ata tta ata acg atg caa att tta ttt 10692
 Gly Ser Ile Thr Ala Ser Phe Ile Leu Ile Thr Met Gln Ile Leu Phe
 500 505 510

ttt tgt gaa gac agc agt ggg gag cca aac ttt gca gaa cgg aat ttt 10740
 Phe Cys Glu Asp Ser Ser Gly Glu Pro Asn Phe Ala Glu Arg Asn Phe
 515 520 525 530

tgg cat gcc agc tgt tcg gct cgt gga gtt tat atc gac gga tca atg 10788
 Trp His Ala Ser Cys Ser Ala Arg Gly Val Tyr Ile Asp Gly Ser Met
 535 540 545

atc acc acc ctt ttc ttc tac gca tcc ctt ttg ggg gtg tgt gta gcc 10836
 Ile Thr Thr Leu Phe Phe Tyr Ala Ser Leu Leu Gly Val Cys Val Ala
 550 555 560

ctt att tcg tta gct tat cat gcg tgt ttc cgg tta ttt act cgt tct 10884
 Leu Ile Ser Leu Ala Tyr His Ala Cys Phe Arg Leu Phe Thr Arg Ser
 565 570 575

gta tta cgc agc acg tgg taaaccggtt tgcctataaa aggggcaggc 10932
 Val Leu Arg Ser Thr Trp
 580

gtgtataaga gggcccctgt ttaatacgcg gtctgccgtg tttggatatt tcacgaccct 10992

atcgttttatt tacgta atg gca tct tcc gac ggt gac aga ctt tgt cgc tct 11044
 Met Ala Ser Ser Asp Gly Asp Arg Leu Cys Arg Ser
 585 590 595

aat gca gtg cgt cgt aaa aca acg cct agt tat tcc gga caa tat cga 11092
 Asn Ala Val Arg Arg Lys Thr Thr Pro Ser Tyr Ser Gly Gln Tyr Arg
 600 605 610

acc gcg cgg cga agt gtg gtc gta gga ccc ccc gat gat tca gac gac 11140
 Thr Ala Arg Arg Ser Val Val Val Gly Pro Pro Asp Asp Ser Asp Asp
 615 620 625

tcg ttg ggt tac att acc aca gtt ggg gcc gat tct cct tct cca gtg Ser Leu Gly Tyr Ile Thr Thr Val Gly Ala Asp Ser Pro Ser Pro Val 630 635 640	11188
tac gcg gat ctt tat ttt gaa cat aaa aat acg acc cct cgc gta cat Tyr Ala Asp Leu Tyr Phe Glu His Lys Asn Thr Thr Pro Arg Val His 645 650 655 660	11236
caa cca aac gac tcc agc gga tcg gaa gat gac ttt gaa gac atc gat Gln Pro Asn Asp Ser Ser Gly Ser Glu Asp Asp Phe Glu Asp Ile Asp 665 670 675	11284
gaa gta gtg gcc gcc ttt cgg gag gcc cgt ttg aga cat gaa ctg gtt Glu Val Val Ala Ala Phe Arg Glu Ala Arg Leu Arg His Glu Leu Val 680 685 690	11332
gaa gat gct gta tat gaa aac ccg cta agt gta gaa aaa cca tct aga Glu Asp Ala Val Tyr Glu Asn Pro Leu Ser Val Glu Lys Pro Ser Arg 695 700 705	11380
tct ttt act aaa aat gcg gcg gtt aaa cct aaa tta gag gat tca ccg Ser Phe Thr Lys Asn Ala Ala Val Lys Pro Lys Leu Glu Asp Ser Pro 710 715 720	11428
aag cga gct ccc ccg gga gca ggc gca att gcc agc ggg aga cca att Lys Arg Ala Pro Pro Gly Ala Gly Ala Ile Ala Ser Gly Arg Pro Ile 725 730 735 740	11476
tcc ttc agc act gca cca aaa acc gca aca agc tcg tgg tgc ggt cct Ser Phe Ser Thr Ala Pro Lys Thr Ala Thr Ser Ser Trp Cys Gly Pro 745 750 755	11524
acg cca tca tat aac aaa cgc gtc ttt tgt gaa gcg gtc cgg cgc gta Thr Pro Ser Tyr Asn Lys Arg Val Phe Cys Glu Ala Val Arg Arg Val 760 765 770	11572
gcc gcc atg cag gca caa aag gct gcc gaa gcg gct tgg aat agt aat Ala Ala Met Gln Ala Gln Lys Ala Ala Glu Ala Ala Trp Asn Ser Asn 775 780 785	11620
ccc cca agg aat aac gcc gaa tta gac cgt ttg tta acc gga gcc gtt Pro Pro Arg Asn Asn Ala Glu Leu Asp Arg Leu Leu Thr Gly Ala Val 790 795 800	11668
att cgt att acg gtg cat gag ggt tta aat tta ata caa gcc gct aat Ile Arg Ile Thr Val His Glu Gly Leu Asn Leu Ile Gln Ala Ala Asn 805 810 815 820	11716
gaa gca gac cta ggt gaa gga gca tcg gta tcc aaa cgt gga cat aat	11764

Glu Ala Asp Leu Gly Glu Gly Ala Ser Val Ser Lys Arg Gly His Asn	
825	830
835	
cga aaa act gga gat tta cag ggg ggc atg ggt aat gaa cct atg tac	11812
Arg Lys Thr Gly Asp Leu Gln Gly Gly Met Gly Asn Glu Pro Met Tyr	
840	845
850	
gca caa gtt cgt aag cca aaa agt cga acg gat aca caa acg act ggg	11860
Ala Gln Val Arg Lys Pro Lys Ser Arg Thr Asp Thr Gln Thr Thr Gly	
855	860
865	
cgt ata act aat cga agt agg gcc cgt tct gca tca aga act gat acg	11908
Arg Ile Thr Asn Arg Ser Arg Ala Arg Ser Ala Ser Arg Thr Asp Thr	
870	875
880	
cga aaa tag ggatataatt acgcagtaac ggtttaccgc gtattatgta	11957
Arg Lys	
885	
taataaataa acgtataaaa gacagtcgtg gtttgtgttt attataaatg tgtattatat	12017
gtcacatatt ataaactggt taaatagtagt cacgtgggtat tatgaacagt ttataatcag	12077
ttgctaccaa acaaacccca ttagacggcg gggttttgata aagggaatcg cttatitaaa	12137
ctaaagatitt tactctataa gt atg gag tgt aat tta gga acc gaa cat cct	12189
Met Glu Cys Asn Leu Gly Thr Glu His Pro	
890	895
agt aca gat acg tgg aat cgt agt aaa acg gaa caa gcg gtt gtg gac	12237
Ser Thr Asp Thr Trp Asn Arg Ser Lys Thr Glu Gln Ala Val Val Asp	
900	905
910	
gca ttt gat gaa tcg ttg ttt ggt gat gta gca tcg gat att gga ttt	12285
Ala Phe Asp Glu Ser Leu Phe Gly Asp Val Ala Ser Asp Ile Gly Phe	
915	920
925	
gaa acg tcg tta tat tca cat gca gtt aaa act gct ccg tct ccg cct	12333
Glu Thr Ser Leu Tyr Ser His Ala Val Lys Thr Ala Pro Ser Pro Pro	
930	935
940	
tgg gta gct agc cct aaa att tta tat caa cag tta ata cgg gat ctt	12381
Trp Val Ala Ser Pro Lys Ile Leu Tyr Gln Gln Leu Ile Arg Asp Leu	
945	950
955	960
gat ttt tca gaa ggg ccg cgt tta cta tca tgt ctt gaa acc tgg aac	12429
Asp Phe Ser Glu Gly Pro Arg Leu Leu Ser Cys Leu Glu Thr Trp Asn	
965	970
975	
gag gat tta ttc tca tgt ttt cct att aat gag gac cta tat tcc gat	12477

Glu Asp Leu Phe Ser Cys Phe Pro Ile Asn Glu Asp Leu Tyr Ser Asp	
980	985 990
atg atg gtt tta tcc ccg gat cca gat gac gtt atc tca acc gtt tca	12525
Met Met Val Leu Ser Pro Asp Pro Asp Asp Val Ile Ser Thr Val Ser	
995 1000 1005	
acc aaa gac cat gtt gaa atg ttt aat tta aca acc cgg ggt tcc	12570
Thr Lys Asp His Val Glu Met Phe Asn Leu Thr Thr Arg Gly Ser	
1010 1015 1020	
gtt cga ttg cct agt cca cca aag caa ccg acg ggg ctt cca gct	12615
Val Arg Leu Pro Ser Pro Pro Lys Gln Pro Thr Gly Leu Pro Ala	
1025 1030 1035	
tac gtt cag gag gtc cag gat tcg ttt acc gta gaa cta cgc gcc	12660
Tyr Val Gln Glu Val Gln Asp Ser Phe Thr Val Glu Leu Arg Ala	
1040 1045 1050	
cgg gaa gaa gca tac aca aaa cta cta gtt act tat tgt aaa tcg	12705
Arg Glu Glu Ala Tyr Thr Lys Leu Leu Val Thr Tyr Cys Lys Ser	
1055 1060 1065	
att ata cgt tat ctc caa gga acg gcg aaa agg acg aca ata ggt	12750
Ile Ile Arg Tyr Leu Gln Gly Thr Ala Lys Arg Thr Thr Ile Gly	
1070 1075 1080	
ctt aat ata caa aac cct gac cag aaa gct tac acg caa ctc agg	12795
Leu Asn Ile Gln Asn Pro Asp Gln Lys Ala Tyr Thr Gln Leu Arg	
1085 1090 1095	
caa agt att cta ctt aga tat tat cgt gag gtg gca agt ttg gcg	12840
Gln Ser Ile Leu Leu Arg Tyr Tyr Arg Glu Val Ala Ser Leu Ala	
1100 1105 1110	
cgt ctt ctg tac cta cat tta tat tta acc gta acg cgt gaa ttt	12885
Arg Leu Leu Tyr Leu His Leu Tyr Leu Thr Val Thr Arg Glu Phe	
1115 1120 1125	
tcc tgg cgt ttg tac gcc agt caa tct gca cac ccg gac gtg ttt	12930
Ser Trp Arg Leu Tyr Ala Ser Gln Ser Ala His Pro Asp Val Phe	
1130 1135 1140	
gcg gct tta aaa ttc acc tgg acc gaa cgt cga cag ttc acg tgt	12975
Ala Ala Leu Lys Phe Thr Trp Thr Glu Arg Arg Gln Phe Thr Cys	
1145 1150 1155	
gcg ttt cat cct gta tta tgc aac cac ggc att gtg tta tta gaa	13020
Ala Phe His Pro Val Leu Cys Asn His Gly Ile Val Leu Leu Glu	
1160 1165 1170	

ggg aaa cca cta aca gcg tct gcc ttg agg gaa ata aat tac cgc	13065
Gly Lys Pro Leu Thr Ala Ser Ala Leu Arg Glu Ile Asn Tyr Arg	
1175 1180 1185	
cgc cga gaa ctg gga ctg cct cta gtt aga tgt ggt ctt gtt gaa	13110
Arg Arg Glu Leu Gly Leu Pro Leu Val Arg Cys Gly Leu Val Glu	
1190 1195 1200	
gaa aac aaa tct ccg ttg gtt caa caa ccc tca ttt tcg gtt cat	13155
Glu Asn Lys Ser Pro Leu Val Gln Gln Pro Ser Phe Ser Val His	
1205 1210 1215	
tta cca cgg tcg gtg ggt ttt ctt acc cac cac att aag cgt aag	13200
Leu Pro Arg Ser Val Gly Phe Leu Thr His His Ile Lys Arg Lys	
1220 1225 1230	
tta gac gca tat gcg gtc aaa cat cct caa gaa ccg aga cat gta	13245
Leu Asp Ala Tyr Ala Val Lys His Pro Gln Glu Pro Arg His Val	
1235 1240 1245	
cga gcg gat cat cct tac gca aaa gtt gtt gaa aat aga aac tac	13290
Arg Ala Asp His Pro Tyr Ala Lys Val Val Glu Asn Arg Asn Tyr	
1250 1255 1260	
ggt agt agc atc gaa gct atg att tta gca cct ccg tcc cca tcc	13335
Gly Ser Ser Ile Glu Ala Met Ile Leu Ala Pro Pro Ser Pro Ser	
1265 1270 1275	
gag atc ctg ccg ggg gac cca cca cgc cca ccc acg tgt ggg ttt	13380
Glu Ile Leu Pro Gly Asp Pro Pro Arg Pro Pro Thr Cys Gly Phe	
1280 1285 1290	
tta acg cgt taa acgtcattgg ggttagagggt gtaaataaat tacgaaaacg	13432
Leu Thr Arg	
1295	
tgcatgcgtt ttttattttt acaatgcgcc gtatatggta tgtctgtcat gtgctctaaa	13492
gtcccatata taaaagaagc cccaacgagt gtatgcgtat tgcgtaccgc gaccctggga	13552
tgtttttacag gcgcgtttgt ttgtctcggt tataagt atg cag tcg ggt cat tat	13607
Met Gln Ser Gly His Tyr	
1300	
aac cgg agg caa tcc cgc cga cag cgg ata tcg tct aat acc aca	13652
Asn Arg Arg Gln Ser Arg Arg Gln Arg Ile Ser Ser Asn Thr Thr	
1305 1310 1315	
gac tcc ccc cgt cac aca cac gga aca cgt tat cgg tca acc aat	13697

Asp	Ser	Pro	Arg	His	Thr	His	Gly	Thr	Arg	Tyr	Arg	Ser	Thr	Asn	
		1320					1325					1330			
tgg	tat	aca	cac	cca	ccc	cag	ata	ttg	tcc	aat	tca	gaa	aca	tta	13742
Trp	Tyr	Thr	His	Pro	Pro	Gln	Ile	Leu	Ser	Asn	Ser	Glu	Thr	Leu	
		1335					1340					1345			
gtt	gcg	gtt	caa	gaa	cta	ctg	aac	tcc	gag	atg	gat	cag	gac	agc	13787
Val	Ala	Val	Gln	Glu	Leu	Leu	Asn	Ser	Glu	Met	Asp	Gln	Asp	Ser	
		1350					1355					1360			
agt	tct	gac	gca	tcg	gat	gat	ttt	ccg	gga	tac	gcc	tta	cat	cat	13832
Ser	Ser	Asp	Ala	Ser	Asp	Asp	Phe	Pro	Gly	Tyr	Ala	Leu	His	His	
		1365					1370					1375			
tct	aca	tat	aat	gga	tcc	gaa	caa	aat	aca	tca	act	tcc	aga	cat	13877
Ser	Thr	Tyr	Asn	Gly	Ser	Glu	Gln	Asn	Thr	Ser	Thr	Ser	Arg	His	
		1380					1385					1390			
gaa	aat	cgc	ata	ttt	aaa	tta	acg	gag	agg	gaa	gct	aat	gag	gaa	13922
Glu	Asn	Arg	Ile	Phe	Lys	Leu	Thr	Glu	Arg	Glu	Ala	Asn	Glu	Glu	
		1395					1400					1405			
atc	aac	atc	aat	acg	gac	gcg	atc	gac	gac	gag	gga	gag	gcg	gag	13967
Ile	Asn	Ile	Asn	Thr	Asp	Ala	Ile	Asp	Asp	Glu	Gly	Glu	Ala	Glu	
		1410					1415					1420			
gag	gga	gag	gcg	gag	gag	gac	gcg	atc	gac	gac	gag	gga	gag	gcg	14012
Glu	Gly	Glu	Ala	Glu	Glu	Asp	Ala	Ile	Asp	Asp	Glu	Gly	Glu	Ala	
		1425					1430					1435			
gag	gag	gga	gag	gcg	gag	gag	gac	gcg	att	gac	gac	gag	gga	gag	14057
Glu	Glu	Gly	Glu	Ala	Glu	Glu	Asp	Ala	Ile	Asp	Asp	Glu	Gly	Glu	
		1440					1445					1450			
gcg	gag	gag	gga	gag	gcg	gag	gag	gac	gcg	att	gac	gac	gag	gga	14102
Ala	Glu	Glu	Gly	Glu	Ala	Glu	Glu	Asp	Ala	Ile	Asp	Asp	Glu	Gly	
		1455					1460					1465			
gag	gcg	gag	gag	gga	gag	gcg	gag	gag	gga	gag	gcg	gag	gag	gga	14147
Glu	Ala	Glu	Glu	Gly	Glu	Ala	Glu	Glu	Gly	Glu	Ala	Glu	Glu	Gly	
		1470					1475					1480			
gag	gcg	gag	gag	gac	gcg	atc	gac	gac	gag	gga	gag	gcg	gag	gag	14192
Glu	Ala	Glu	Glu	Asp	Ala	Ile	Asp	Asp	Glu	Gly	Glu	Ala	Glu	Glu	
		1485					1490					1495			
gac	gcg	gcg	gag	gag	gac	gcg	atc	gac	gac	gag	gga	gag	gcg	gag	14237
Asp	Ala	Ala	Glu	Glu	Asp	Ala	Ile	Asp	Asp	Glu	Gly	Glu	Ala	Glu	
		1500					1505					1510			

gag gat tat	ttt tct gta agt caa	gtt tgc agt cga gac	gcg gat	14282
Glu Asp Tyr	Phe Ser Val Ser Gln	Val Cys Ser Arg Asp	Ala Asp	
1515	1520	1525		
gag gtt tat	ttt acg tta gac ccg	gaa ata agt tac agt	acc gat	14327
Glu Val Tyr	Phe Thr Leu Asp Pro	Glu Ile Ser Tyr Ser	Thr Asp	
1530	1535	1540		
ctt cgc att	gca aag gtt atg gag	cct gcg gta tca aag	gaa ctt	14372
Leu Arg Ile	Ala Lys Val Met Glu	Pro Ala Val Ser Lys	Glu Leu	
1545	1550	1555		
aat gta tca	aaa cgt tgt gtt gaa	cct gtt acc cta aca	ggc tct	14417
Asn Val Ser	Lys Arg Cys Val Glu	Pro Val Thr Leu Thr	Gly Ser	
1560	1565	1570		
atg tta gcg	cat aat ggg ttt gat	gag tcc tgg ttt gct	atg cgc	14462
Met Leu Ala	His Asn Gly Phe Asp	Glu Ser Trp Phe Ala	Met Arg	
1575	1580	1585		
gaa tgt acc	cgt cgc gaa tat att	acg gtc caa gga tta	tac gac	14507
Glu Cys Thr	Arg Arg Glu Tyr Ile	Thr Val Gln Gly Leu	Tyr Asp	
1590	1595	1600		
cca att cat	tta cgg tat cag ttt	gat act tcc cgg atg	aca ccc	14552
Pro Ile His	Leu Arg Tyr Gln Phe	Asp Thr Ser Arg Met	Thr Pro	
1605	1610	1615		
cca cag att	ttg aga act ata cca	gcc ctt cct aac atg	aca ctt	14597
Pro Gln Ile	Leu Arg Thr Ile Pro	Ala Leu Pro Asn Met	Thr Leu	
1620	1625	1630		
ggt gaa ctt	tta ttg att ttt cct	att gaa ttt atg gcc	cag cca	14642
Gly Glu Leu	Leu Leu Ile Phe Pro	Ile Glu Phe Met Ala	Gln Pro	
1635	1640	1645		
att tct ata	gaa cgt att tta gtt	gaa gat gta ttt tta	gat agg	14687
Ile Ser Ile	Glu Arg Ile Leu Val	Glu Asp Val Phe Leu	Asp Arg	
1650	1655	1660		
cgg gct tcc	agt aaa aca cat aaa	tac ggc ccg cgt tgg	aat tcc	14732
Arg Ala Ser	Ser Lys Thr His Lys	Tyr Gly Pro Arg Trp	Asn Ser	
1665	1670	1675		
gtc tac gca	ctt cca tat aat gcg	ggt aaa atg tat gta	caa cac	14777
Val Tyr Ala	Leu Pro Tyr Asn Ala	Gly Lys Met Tyr Val	Gln His	
1680	1685	1690		
att cct ggg	ttt tat gac gtg tcc	tta cgt gct gtg ggc	caa gga	14822

Ile	Pro	Gly	Phe	Tyr	Asp	Val	Ser	Leu	Arg	Ala	Val	Gly	Gln	Gly	
		1695					1700					1705			
acg	gcc	att	tgg	cat	cac	atg	ata	tta	tcc	aca	gca	gca	tgc	gct	14867
Thr	Ala	Ile	Trp	His	His	Met	Ile	Leu	Ser	Thr	Ala	Ala	Cys	Ala	
		1710					1715					1720			
att	tct	aat	cgc	att	tca	cat	gga	gat	gga	tta	gga	ttt	ttg	tta	14912
Ile	Ser	Asn	Arg	Ile	Ser	His	Gly	Asp	Gly	Leu	Gly	Phe	Leu	Leu	
		1725					1730					1735			
gac	gcg	gca	att	cgt	att	agc	gca	aac	tgt	att	ttt	ttg	gga	cgt	14957
Asp	Ala	Ala	Ile	Arg	Ile	Ser	Ala	Asn	Cys	Ile	Phe	Leu	Gly	Arg	
		1740					1745					1750			
aac	gat	aat	ttt	ggc	gtg	ggg	gat	cca	tgt	tgg	tta	gaa	gac	cat	15002
Asn	Asp	Asn	Phe	Gly	Val	Gly	Asp	Pro	Cys	Trp	Leu	Glu	Asp	His	
		1755					1760					1765			
ctt	gcc	gga	tta	cca	cga	gaa	gcc	gta	ccc	gac	gta	ctc	caa	gtg	15047
Leu	Ala	Gly	Leu	Pro	Arg	Glu	Ala	Val	Pro	Asp	Val	Leu	Gln	Val	
		1770					1775					1780			
aca	cag	ttg	gtt	ttg	cca	aat	cgg	ggt	cca	acg	gtt	gcc	att	atg	15092
Thr	Gln	Leu	Val	Leu	Pro	Asn	Arg	Gly	Pro	Thr	Val	Ala	Ile	Met	
		1785					1790					1795			
cgt	ggt	ttt	ttt	ggg	gcg	ttg	gca	tat	tgg	ccc	gaa	cta	aga	att	15137
Arg	Gly	Phe	Phe	Gly	Ala	Leu	Ala	Tyr	Trp	Pro	Glu	Leu	Arg	Ile	
		1800					1805					1810			
gct	ata	agt	gaa	cca	tct	aca	tct	ttg	gtg	cga	tat	gct	acc	ggt	15182
Ala	Ile	Ser	Glu	Pro	Ser	Thr	Ser	Leu	Val	Arg	Tyr	Ala	Thr	Gly	
		1815					1820					1825			
cac	atg	gaa	ctt	gcc	gaa	tgg	ttt	tta	ttt	tca	cgt	aca	cat	agt	15227
His	Met	Glu	Leu	Ala	Glu	Trp	Phe	Leu	Phe	Ser	Arg	Thr	His	Ser	
		1830					1835					1840			
tta	aag	cca	caa	ttt	acc	cca	acg	gaa	cgg	gaa	atg	tta	gcg	tca	15272
Leu	Lys	Pro	Gln	Phe	Thr	Pro	Thr	Glu	Arg	Glu	Met	Leu	Ala	Ser	
		1845					1850					1855			
ttt	ttt	acg	ttg	tat	gtt	act	ctt	ggt	gga	gga	atg	ttg	aac	tgg	15317
Phe	Phe	Thr	Leu	Tyr	Val	Thr	Leu	Gly	Gly	Gly	Met	Leu	Asn	Trp	
		1860					1865					1870			
atc	tgt	aga	gca	act	gca	atg	tat	tta	gct	gct	cct	tac	cat	tcc	15362
Ile	Cys	Arg	Ala	Thr	Ala	Met	Tyr	Leu	Ala	Ala	Pro	Tyr	His	Ser	
		1875					1880					1885			

cgt tcg gct	tac atc gcg gtc	tgt gaa tct ctg ccc	tat tac tat	15407
Arg Ser Ala	Tyr Ile Ala Val	Cys Glu Ser Leu Pro	Tyr Tyr Tyr	
1890	1895	1900		
atc ccg gtt	aat agt gac ctg tta	tgt gat tta gag gta	tta ctg	15452
Ile Pro Val	Asn Ser Asp Leu Leu	Cys Asp Leu Glu Val	Leu Leu	
1905	1910	1915		
tta ggc gag	gtc gac ctc cca act	gtt tgt gaa tcc tac	gca act	15497
Leu Gly Glu	Val Asp Leu Pro Thr	Val Cys Glu Ser Tyr	Ala Thr	
1920	1925	1930		
att gca cac	gaa tta acc gga tat	gag gct gtt cgc aca	gca gcc	15542
Ile Ala His	Glu Leu Thr Gly Tyr	Glu Ala Val Arg Thr	Ala Ala	
1935	1940	1945		
aca aat ttt	atg ata gag ttt gcc	gat tgt tat aag gaa	agt gag	15587
Thr Asn Phe	Met Ile Glu Phe Ala	Asp Cys Tyr Lys Glu	Ser Glu	
1950	1955	1960		
acc gat tta	atg gta agc gcg tac	ctg ggg gcc gtt tta	ttg tta	15632
Thr Asp Leu	Met Val Ser Ala Tyr	Leu Gly Ala Val Leu	Leu Leu	
1965	1970	1975		
caa cgg gtg	ttg ggt cat gca aat	ctt ctt ttg ttg ctt	ctc tcc	15677
Gln Arg Val	Leu Gly His Ala Asn	Leu Leu Leu Leu Leu	Leu Ser	
1980	1985	1990		
ggg gct gcg	ttg tac gga gga tgt	tca att tac atc ccc	cga ggt	15722
Gly Ala Ala	Leu Tyr Gly Gly Cys	Ser Ile Tyr Ile Pro	Arg Gly	
1995	2000	2005		
att tta gat	gca tat aat act tta	atg ttg gca gca agt	cct ctt	15767
Ile Leu Asp	Ala Tyr Asn Thr Leu	Met Leu Ala Ala Ser	Pro Leu	
2010	2015	2020		
tac gct cac	caa act tta aca tcc	ttt tgg aaa gac cgc	gat gat	15812
Tyr Ala His	Gln Thr Leu Thr Ser	Phe Trp Lys Asp Arg	Asp Asp	
2025	2030	2035		
gca atg caa	act ttg ggg att cga	ccg aca acg gac gtt	tta ccc	15857
Ala Met Gln	Thr Leu Gly Ile Arg	Pro Thr Thr Asp Val	Leu Pro	
2040	2045	2050		
aaa gag caa	gac agg ata gtt cag	gca tca cct ata gag	atg aac	15902
Lys Glu Gln	Asp Arg Ile Val Gln	Ala Ser Pro Ile Glu	Met Asn	
2055	2060	2065		
ttc cgt ttt	gtg gga ttg gag acc	atc tat ccc cga gaa	cag ccc	15947

Phe	Arg	Phe	Val	Gly	Leu	Glu	Thr	Ile	Tyr	Pro	Arg	Glu	Gln	Pro		
		2070					2075					2080				
att	ccc	tcc	gtg	gac	cta	gcc	gaa	aat	ctt	atg	caa	tac	agg	aat	15992	
Ile	Pro	Ser	Val	Asp	Leu	Ala	Glu	Asn	Leu	Met	Gln	Tyr	Arg	Asn		
		2085					2090					2095				
gaa	att	ctg	ggt	ttg	gat	tgg	aaa	agc	gta	gcc	atg	cat	tta	cta	16037	
Glu	Ile	Leu	Gly	Leu	Asp	Trp	Lys	Ser	Val	Ala	Met	His	Leu	Leu		
		2100					2105					2110				
cga	aaa	tat	taa	gggtt	gtgat	tttttt	catt	aggat	gaaaa	gaacg	tttcc				16089	
Arg	Lys	Tyr														
		2115														
tagcc	acacc	cacaa	aggag	ttt	gtaaa	aat	aaaat	ctctg	tttag	acctt	aaaatt	ttgtt			16149	
gtgtg	tggtg	tggtg	tggtg	tggtg	tggtg	tggtg	tggtg	tggtg	tggtg	tggtg	tggtg	tggtg			16209	
cgca	atg	ttt	tct	cgg	ttt	gcg	cgt	tcc	ttt	tcc	agc	gat	gat	aga	16255	
	Met	Phe	Ser	Arg	Phe	Ala	Arg	Ser	Phe	Ser	Ser	Asp	Asp	Arg		
					2120					2125						
acg	cgt	aaa	tct	tat	gat	ggt	agt	tac	caa	agt	ttt	aat	gcc	ggc	16300	
Thr	Arg	Lys	Ser	Tyr	Asp	Gly	Ser	Tyr	Gln	Ser	Phe	Asn	Ala	Gly		
2130					2135					2140						
gaa	cgt	gat	ttg	ccc	aca	cct	acc	cgg	gac	tgg	tgt	tct	att	tcc	16345	
Glu	Arg	Asp	Leu	Pro	Thr	Pro	Thr	Arg	Asp	Trp	Cys	Ser	Ile	Ser		
2145					2150					2155						
caa	cgc	ata	acc	agc	gag	cgc	gtg	agg	gat	gga	tgt	ctt	att	cca	16390	
Gln	Arg	Ile	Thr	Ser	Glu	Arg	Val	Arg	Asp	Gly	Cys	Leu	Ile	Pro		
2160					2165					2170						
acg	ccc	ggc	gag	gct	ttg	gag	acg	gcg	gta	aag	gct	tta	tct	gaa	16435	
Thr	Pro	Gly	Glu	Ala	Leu	Glu	Thr	Ala	Val	Lys	Ala	Leu	Ser	Glu		
2175					2180					2185						
aag	acc	gac	agc	cta	aca	tcg	ccg	gtt	tta	caa	agt	acc	gaa	aga	16480	
Lys	Thr	Asp	Ser	Leu	Thr	Ser	Pro	Val	Leu	Gln	Ser	Thr	Glu	Arg		
2190					2195					2200						
cac	agt	gtt	ctg	ctt	gga	tta	cac	cat	aat	aat	gtt	cct	gaa	tcg	16525	
His	Ser	Val	Leu	Leu	Gly	Leu	His	His	Asn	Asn	Val	Pro	Glu	Ser		
2205					2210					2215						
ttg	gtg	gtc	tcg	tgt	atg	tct	aac	gat	gtt	cat	gac	ggg	ttt	atg	16570	
Leu	Val	Val	Ser	Cys	Met	Ser	Asn	Asp	Val	His	Asp	Gly	Phe	Met		
2220					2225					2230						

cag Gln 2235	cgt Arg	tat Tyr	atg Met	gaa Glu	aca Thr	att Ile	caa Gln	aga Arg	tgt Cys	ttg Leu	gat Asp	gac Asp	ctg Leu	aaa Lys	16615
					2240					2245					
ctt Leu 2250	tct Ser	ggg Gly	gat Asp	gga Gly	ctt Leu	tgg Trp	tgg Trp	gtt Val	tat Tyr	gaa Glu	aat Asn	aca Thr	tat Tyr	tgg Trp	16660
					2255					2260					
cag Gln 2265	tat Tyr	ctc Leu	aaa Lys	tac Tyr	acc Thr	aca Thr	gga Gly	gcc Ala	gag Glu	gta Val	ccg Pro	gtg Val	act Thr	tca Ser	16705
					2270					2275					
gag Glu 2280	aag Lys	gta Val	aat Asn	aaa Lys	aag Lys	tct Ser	aaa Lys	tcc Ser	acg Thr	gtt Val	ttg Leu	ttg Leu	ttt Phe	tca Ser	16750
					2285					2290					
tcc Ser 2295	gta Val	gtt Val	gcc Ala	aat Asn	aaa Lys	cca Pro	ata Ile	tcc Ser	aga Arg	cat His	cct Pro	ttt Phe	aaa Lys	tct Ser	16795
					2300					2305					
aaa Lys 2310	gtt Val	ata Ile	aat Asn	tcg Ser	gat Asp	tac Tyr	cgg Arg	gga Gly	ata Ile	tgt Cys	cag Gln	gag Glu	cta Leu	cgt Arg	16840
					2315					2320					
gag Glu 2325	gcg Ala	tta Leu	gga Gly	gct Ala	gtg Val	caa Gln	aag Lys	tat Tyr	atg Met	tat Tyr	ttt Phe	atg Met	cgt Arg	cca Pro	16885
					2330					2335					
gat Asp 2340	gat Asp	cct Pro	aca Thr	aac Asn	ccc Pro	agc Ser	ccg Pro	gat Asp	aca Thr	aga Arg	ata Ile	cgt Arg	gta Val	caa Gln	16930
					2345					2350					
gaa Glu 2355	att Ile	gcg Ala	gct Ala	tac Tyr	acg Thr	gct Ala	act Thr	ggc Gly	tac Tyr	ggg Gly	tgg Trp	atg Met	tta Leu	tgg Trp	16975
					2360					2365					
ttc Phe 2370	ttg Leu	gac Asp	gtt Val	gtg Val	gac Asp	gcc Ala	agg Arg	gta Val	tgt Cys	cgc Arg	cat His	ctc Leu	aaa Lys	ctt Leu	17020
					2375					2380					
caa Gln 2385	ttt Phe	cga Arg	cgg Arg	att Ile	cga Arg	ggg Gly	ccg Pro	cgc Arg	gcg Ala	tct Ser	gtt Val	att Ile	cca Pro	gat Asp	17065
					2390					2395					
gat Asp 2400	ttg Leu	ctt Leu	aga Arg	cga Arg	cat His	tta Leu	aaa Lys	acg Thr	ggt Gly	cct Pro	gcg Ala	gtc Val	tca Ser	gcg Ala	17110
					2405					2410					
ggc	aca	gga	gtt	gcg	ttt	att	tta	gca	gca	aca	act	gcc	agc	gct	17155

Gly 2415	Thr	Gly	Val	Ala	Phe 2420	Ile	Leu	Ala	Ala	Thr 2425	Thr	Ala	Ser	Ala	
ctt	act	gcg	ctt	ttg	cgt	att	agt	gta	tta	tgg	cga	aag	gaa	gag	17200
Leu 2430	Thr	Ala	Leu	Leu	Arg 2435	Ile	Ser	Val	Leu	Trp 2440	Arg	Lys	Glu	Glu	
tgg	cgg	gat	ggt	tta	aat	gga	acc	gca	gct	gca	att	gtt	gcg	gcg	17245
Trp 2445	Arg	Asp	Gly	Leu	Asn 2450	Gly	Thr	Ala	Ala	Ala 2455	Ile	Val	Ala	Ala	
gtt	gaa	ctt	att	acg	ctt	ttg	cac	cac	cat	ttt	caa	tac	tta	att	17290
Val 2460	Glu	Leu	Ile	Thr	Leu 2465	Leu	His	His	His	Phe 2470	Gln	Tyr	Leu	Ile	
aat	atg	atg	ctt	att	gga	tat	gca	tgt	tgg	ggg	gat	ggg	gga	tta	17335
Asn 2475	Met	Met	Leu	Ile	Gly 2480	Tyr	Ala	Cys	Trp	Gly 2485	Asp	Gly	Gly	Leu	
aac	gat	cct	tat	ata	tta	aag	gcg	cta	cgt	gcc	cag	gga	cgg	ttt	17380
Asn 2490	Asp	Pro	Tyr	Ile	Leu 2495	Lys	Ala	Leu	Arg	Ala 2500	Gln	Gly	Arg	Phe	
tta	tat	ttt	gcg	ggt	cag	ttg	gtc	aga	aca	atg	tca	aca	cac	agt	17425
Leu 2505	Tyr	Phe	Ala	Gly	Gln 2510	Leu	Val	Arg	Thr	Met 2515	Ser	Thr	His	Ser	
tgg	gtt	gtg	tta	gag	acc	agc	acc	cat	atg	tgg	ttt	tcc	cgg	gcc	17470
Trp 2520	Val	Val	Leu	Glu	Thr 2525	Ser	Thr	His	Met	Trp 2530	Phe	Ser	Arg	Ala	
gtg	gcg	cag	agt	att	tta	gca	cat	ggg	ggt	aaa	ccc	aca	aag	tat	17515
Val 2535	Ala	Gln	Ser	Ile	Leu 2540	Ala	His	Gly	Gly	Lys 2545	Pro	Thr	Lys	Tyr	
tat	gct	cag	gtt	ctt	gcc	gcc	agt	aaa	cgg	tat	act	ccg	tta	cat	17560
Tyr 2550	Ala	Gln	Val	Leu	Ala 2555	Ala	Ser	Lys	Arg	Tyr 2560	Thr	Pro	Leu	His	
tta	aga	cgt	ata	tcc	gaa	cca	tcg	agt	gtg	tct	gat	cag	ccg	tat	17605
Leu 2565	Arg	Arg	Ile	Ser	Glu 2570	Pro	Ser	Ser	Val	Ser 2575	Asp	Gln	Pro	Tyr	
att	cgt	ttt	aat	cga	ctg	gga	tct	cca	ata	ggg	aca	ggt	ata	ggg	17650
Ile 2580	Arg	Phe	Asn	Arg	Leu 2585	Gly	Ser	Pro	Ile	Gly 2590	Thr	Gly	Ile	Gly	
aat	ttg	gaa	tgt	gtc	tgt	tta	acg	gga	aat	tat	tta	tct	gac	gac	17695
Asn 2595	Leu	Glu	Cys	Val	Cys 2600	Leu	Thr	Gly	Asn	Tyr 2605	Leu	Ser	Asp	Asp	

gta aat gca agt tcg cat	gta att aat aca gaa gca ccg tta aac	17740
Val Asn Ala Ser Ser His	Val Ile Asn Thr Glu Ala Pro Leu Asn	
2610	2615 2620	
agt ata gca ccc gat aca	aat aga cag cgg act tct cgc gtt tta	17785
Ser Ile Ala Pro Asp Thr	Asn Arg Gln Arg Thr Ser Arg Val Leu	
2625	2630 2635	
gtt cgt cca gac acg ggt	ttg gat gta act gtc cga aaa aac cac	17830
Val Arg Pro Asp Thr Gly	Leu Asp Val Thr Val Arg Lys Asn His	
2640	2645 2650	
tgt ctg gac ata ggc cat	acg gac ggt agt cca gtt gac cca acg	17875
Cys Leu Asp Ile Gly His	Thr Asp Gly Ser Pro Val Asp Pro Thr	
2655	2660 2665	
tat cct gat cat tac acc	cgg ata aag gcg gaa tat gaa ggt ccg	17920
Tyr Pro Asp His Tyr Thr	Arg Ile Lys Ala Glu Tyr Glu Gly Pro	
2670	2675 2680	
gtt cgg gat gaa tca aac	aca atg ttt gac caa aga tcg gat tta	17965
Val Arg Asp Glu Ser Asn	Thr Met Phe Asp Gln Arg Ser Asp Leu	
2685	2690 2695	
cgt cac ata gaa acc caa	gca tct tta aat gat cac gta tat gaa	18010
Arg His Ile Glu Thr Gln	Ala Ser Leu Asn Asp His Val Tyr Glu	
2700	2705 2710	
aat ata cca ccc aag gaa	gtg ggt ttt aac tca tct tca gac ctg	18055
Asn Ile Pro Pro Lys Glu	Val Gly Phe Asn Ser Ser Ser Asp Leu	
2715	2720 2725	
gat gtg gat agc ctt aac	ggg tac acc tcc gga gac atg cat aca	18100
Asp Val Asp Ser Leu Asn	Gly Tyr Thr Ser Gly Asp Met His Thr	
2730	2735 2740	
gac gat gac tta tca cca	gat ttt ata ccc aac gac gtt ccc gtt	18145
Asp Asp Asp Leu Ser Pro	Asp Phe Ile Pro Asn Asp Val Pro Val	
2745	2750 2755	
aga tgt aaa acc acg gtt	acg ttt agg aaa aat acg cct aag agt	18190
Arg Cys Lys Thr Thr Val	Thr Phe Arg Lys Asn Thr Pro Lys Ser	
2760	2765 2770	
cat cat taa gtacagcgt	taatagatag ttatggacta ggcactttgg	18239
His His		
2775		

cggtcatttc cacaaccagg ttaaaattgg gggatttggg agaaaatagt ctattgcgta 18299

ttttctgttc aataattgga ctgcgttatt taaaggctctg attggttgat tgggttataa	18359
aaggaattac tcctttaaat ttactttaat gtaccacaaa tatcaagtgg tcgtttgtat	18419
ttaacgatta ttaccggtac c atg gga gac ttg tca tgt tgg aca aag gtg	18470
Met Gly Asp Leu Ser Cys Trp Thr Lys Val	
2780 2785	
ccg ggt ttt acg tta acc ggc gaa ctt cag tac tta aaa caa gtg	18515
Pro Gly Phe Thr Leu Thr Gly Glu Leu Gln Tyr Leu Lys Gln Val	
2790 2795 2800	
gat gat att tta agg tat gga gtt cgg aaa cgc gat cga aca gga	18560
Asp Asp Ile Leu Arg Tyr Gly Val Arg Lys Arg Asp Arg Thr Gly	
2805 2810 2815	
atc gga acg tta tct tta ttt gga atg caa gct cga tac aat ttg	18605
Ile Gly Thr Leu Ser Leu Phe Gly Met Gln Ala Arg Tyr Asn Leu	
2820 2825 2830	
cga aat gaa ttt cct ctt tta act aca aag cgt gtt ttt tgg agg	18650
Arg Asn Glu Phe Pro Leu Leu Thr Thr Lys Arg Val Phe Trp Arg	
2835 2840 2845	
gcc gtc gtg gaa gag ttg tta tgg ttt atc cgc ggg tca acc gat	18695
Ala Val Val Glu Glu Leu Leu Trp Phe Ile Arg Gly Ser Thr Asp	
2850 2855 2860	
tcc aaa gaa ctc gcc gct aaa gat ata cac ata tgg gat ata tac	18740
Ser Lys Glu Leu Ala Ala Lys Asp Ile His Ile Trp Asp Ile Tyr	
2865 2870 2875	
gga tcg agc aaa ttt cta aat agg aat ggc ttc cat aaa aga cac	18785
Gly Ser Ser Lys Phe Leu Asn Arg Asn Gly Phe His Lys Arg His	
2880 2885 2890	
acg ggg gac ctt ggc ccc att tac ggc ttc cag tgg aga cat ttt	18830
Thr Gly Asp Leu Gly Pro Ile Tyr Gly Phe Gln Trp Arg His Phe	
2895 2900 2905	
gga gcg gaa tat aaa gac tgt caa tca aac tat tta cag caa gga	18875
Gly Ala Glu Tyr Lys Asp Cys Gln Ser Asn Tyr Leu Gln Gln Gly	
2910 2915 2920	
atc gat cag ctg caa act gtt ata gat aca att aaa aca aac cca	18920
Ile Asp Gln Leu Gln Thr Val Ile Asp Thr Ile Lys Thr Asn Pro	
2925 2930 2935	
gaa agc cga cga atg att ata tcg tct tgg aat cca aag gat atc	18965

Glu Ser Arg Arg Met Ile Ile Ser Ser Trp Asn Pro Lys Asp Ile	
2940 2945 2950	
ccc tta atg gta cta cct cca tgt cac acg tta tgt cag ttt tac	19010
Pro Leu Met Val Leu Pro Pro Cys His Thr Leu Cys Gln Phe Tyr	
2955 2960 2965	
gtt gca aac ggt gaa tta tcc tgc caa gta tac cag aga tcg ggg	19055
Val Ala Asn Gly Glu Leu Ser Cys Gln Val Tyr Gln Arg Ser Gly	
2970 2975 2980	
gat atg ggc ctt ggg gta ccg ttc aac att gct gga tat gca ctt	19100
Asp Met Gly Leu Gly Val Pro Phe Asn Ile Ala Gly Tyr Ala Leu	
2985 2990 2995	
ctt acc tac ata gta gcg cat gtt aca gga ctt aaa acc gga gat	19145
Leu Thr Tyr Ile Val Ala His Val Thr Gly Leu Lys Thr Gly Asp	
3000 3005 3010	
tta att cat aca atg ggg gat gca cat att tac ttg aat cat ata	19190
Leu Ile His Thr Met Gly Asp Ala His Ile Tyr Leu Asn His Ile	
3015 3020 3025	
gat gct tta aaa gtg cag cta gct cga tcc cca aaa cct ttt cct	19235
Asp Ala Leu Lys Val Gln Leu Ala Arg Ser Pro Lys Pro Phe Pro	
3030 3035 3040	
tgc ctt aaa att att cga aat gta aca gat ata aac gac ttt aaa	19280
Cys Leu Lys Ile Ile Arg Asn Val Thr Asp Ile Asn Asp Phe Lys	
3045 3050 3055	
tgg gac gat ttt cag ctt gat gga tat aat cca cac ccc ccc cta	19325
Trp Asp Asp Phe Gln Leu Asp Gly Tyr Asn Pro His Pro Pro Leu	
3060 3065 3070	
aaa atg gaa atg gct ctt taa tggattttta aatgttgtca agacagtaga	19376
Lys Met Glu Met Ala Leu	
3075	
tgtgttgcca atgtaataaa atgatataca cagacgcgtt tggttggttt ctgtttatga	19436
acagcaacgg atgcataggg ttgcgataac tgcgataaga cccaatgtcc caaggataga	19496
tatcacacca attataactg ctacaacgga aaatgtagtg gcgtaggtag atgcatcgta	19556
ggtataaacg gccgaaaacg gaggggaatit tttagggttaa ccatctagat gacacgaata	19616
ggtgataggt ccgtcgagtt ccgatgttgg acaagaactt tgcattgtta caaacggttt	19676
gttttgatca cacacccag taatctcact gttttcgtgg ttaatgggag aatcggttaac	19736

ccaccatacg aaatgtacaa cgccacgtgg cacacatttt gccgtacata ctatgtgtcc 19796
atcaataata cctatagaca cgttgggaaa tggatagacg tcaggggtaa cgacagcaga 19856
atatttcata ttagagacgc catcccgaat ccataaaaca ttacattgga tggctggggg 19916
tgggtaatcc atttgttttt gctgtggaat tcgtaccgcc gaaacataac taaataatcc 19976
attggcatat tcttgtattg catcggttat aaaatttttt ccgatgttac caaaccttga 20036
agtccaccga acacgtaccg agtgcggtgg ataatacttt gatacgttac agtaggctgc 20096
gtatgtctgt ccggttaaga ctggatcgcc gacaacggta atatttggac gataatacgt 20156
tgtaactgta atactgtgtt ccgatatgac gttcttagtt tttgtattaa cgactcgcca 20216
aatatacgtt ccctccgtgg tagcatccat agataaaatt gttacagaaa aatcagacgt 20276
tgttttaaca tctggtatta cataattttc cttagcgtgt gtaaataatct cagggttggt 20336
tattaagttt aaatcggcac tgttgctata taacataacc ggtaaacttg gcatgcgtat 20396
taacgcattg cccagttgac ggtgcggatc tataaggtga cgcgtaaacc aaacttcaat 20456
atgaagatcg gggcgataaa gcgacttcca ccttgttata tttgaacctt ccgatctaa 20516
agaatattgt tcatatgttt tttgttgctg cttaaaggcc gcctgttgtc cggctcgtag 20576
acgcatgtaa caaggcatga taaatgtgtg aaaatagggt atggattgta ttccgccgtg 20636
aacgcattgt atattttcat atagaaaagg tggttgtgaa tgttgggtgt tggctgcggg 20696
atcgggcctt cgggaagcgg ccgaggtggg cgcgacggcg ggatcgggct ttcgggtagc 20756
ggccgaggtg ggcgcgacgg cgggatcggg ctttcgggaa gcggccgagg tgggcgcgac 20816
ggcgggatcg ggctttcggg tagcggccga ggtgggcgcg acggcgggat cgggccttcg 20876
ggaagcggcc gaggtgggcg cgacggcggg atcgggcctt cgggaagcgg ccgaggtggg 20936
cgcgacggcg ggatcgggct ttcgggaagc ggccgaggtg ggcgcgacgg cgggatcggg 20996
ctttcgggta gcggccgagg tatataattc agttatactt acgggtgtgg gttgagattc 21056
agtcgataat tgtatacacg cgatcgttaa aattaaattt atttgtatcc gcttcatcct 21116
ggtttttatt gacacatcca cgctcccctt aaataaaaga ttaaaacacc caccgcggaa 21176
tttaaattgat ggaaacgttt ttttcgacat tgggaataat aaaaacggct tttgcaactt 21236

taaaaacttt atttatctcg attacgatac atatgtacca catagatagc atagatttat 21296
tataatataa acacacacgt gatatacttt agtgatatga gatgccataa aacagtcaat 21356
aggtttaacg cttagtctca tcatctgaat acacgtcaaa cccgccgcaa ctgttgatgt 21416
tagaattata atagctcccc atgaaatgcc ggcaaagtgt acagctatac ccgtcaccga 21476
ggtcgttgta tataatacaa ttacccatag gttttttttt tcttgatata aaacggcaaa 21536
accctgtaac ccaaagtcta taatatgacc tcctattgaa actgctaacg ttacttgtgt 21596
aagtttgata aaatgattta atttaattat atgtgagatt gccacatta atggggtaac 21656
tatatataac accgggggta taacagacat tatacgaatt cttttaaaca cgcgtttaag 21716
ggtcggggaa ctttctcgat ggtcacatac tctcccgcgg tcattttgtg tatatacaac 21776
ggcaaaacct aaatctgtat aagtgtttaa ttgcttatgg cgatttttac gatatacata 21836
cgtatcttgc aaatcgggtgg cggcatcgac aattgaaact agtgtgacaa tagatataca 21896
caatccaata agaacctcat atttactgac atacatataa aaaataacgg ttagtaaacc 21956
tccaaccca gttccaaca tcataacata aaaataaata tgcggtccat tgaatgtcgt 22016
aacaaagttg tagtaatgga tatgcacagc agccactgtt ccggtaatcg cggatatgga 22076
aattcccagt aattctacaa atggaagatc ccgggatatt gggcaaccaa ccgcccataa 22136
cacagcaaaa cccaacacga ccaccgtctg caaacatcgt cccaattttg ctaatgtgcg 22196
tagaaatttc acggatgttg gccataacct cgaaacgacg atcaaccca taatagttgc 22256
attgacggca gcttcgcaga cgtgatattg taaaattaac ccggacgtga taacgcttgc 22316
ttgtagtccc acgagaaaca accgcgatgc tgaggttatt gcacacgaat tacattcttg 22376
agggtttccg acacatcctt ggattgattg agcgcggatt aattctctgt ctaacacacc 22436
caggttttca tcatggacag ctctttcacc attcacggcc atgtcttaag ttttaataatt 22496
caaaacaaat aaaaatgtgt tcatctatgg tacacacaag tttgtatgta aaatataagc 22556
aaaagttgca cttatttaac tgtacatatt acgtcagatt cacgtgataa ttcagaataa 22616
tccagggttc ctgcagggtc cactggagga gccacacaat attcgcgat tccgattccc 22676
tcctgccatg tggtttcggg gagtttcccc cccattttat ttccggtatt tttttcgttt 22736

ctttttgtta ataaattgcg tctttttttt aatgggtgggt catccttcac agattccatg 22796
 ttcgcaaata attgcatcga ggttaatttt tctttaaggt ctttgggact taagaacgtt 22856
 gcataaaaaa aagaatgcac ggggtgcggaa cgttggatat acaatccaac catggggggag 22916
 ttagttaagg cgagataaaa attaataata cacgtctcat cccgtgttaa cttaagattt 22976
 tgtacggcag aacggaatcc actgtgtgtt tccaataata ctccaaattc acgcatactc 23036
 ccgctgccat aaacaacatt attaaggatc ctttttgaat ttgtgattga gcgtattaaa 23096
 ttatatgggtg taggcttgct tccgtttata tccaaggaaa cattaaatga gataaaacca 23156
 cccccggcgg tctggatgta catatccgtg gctgttagaa tgaagcatgt tgtaaacca 23216
 aaagttttta gtagtcgctg taaacgggtg aattgatcgc gttttaagca aatgcttata 23276
 tctggagtta gatttggaaa catcattgta taacaagcga gttcacgttt tacaacttgt 23336
 ttgtaacatt gtacttgatc atctggacca caatcacccg ggcgttgcca taccatcggt 23396
 tggataatac tccgctcggg gggttgtccg gtaaatttaa aatataaccg tgttgggggtc 23456
 gacggatctt ttgtatggcg aaacgcgtca ataagcgagg accgtccctc cgttgccgcg 23516
 agtacaacca ttctcggccc agtccaatta tactgggtcaa acatatttgc cggatatagga 23576
 atatacagtt gttctgtttc caaactacag tgaataatta atccttcgtc gctgaatatt 23636
 aaaatagaat cccttagtct attaaccaga ggtgatatag acgaaattaa accagtaagc 23696
 gttttttccg ttaaaacagc tctggcgatt tctggggcgt caaaaccgcg atgcaattcc 23756
 atgtccaaag catcgtctgt acgcgacctc aaatccataa ttactactt aaaatgttta 23816
 ctatagaaaa agtaatcata tgtaaacaca cgagtttcgt taatatgttt gttaaacccg 23876
 atccggtgac ttaagtacat aaacaggcat gatatttgaa tagtacggcc catgggaggg 23936
 aacatttcca cgtgttccaa tacaggggggt gttccttaat agggactgtg caataaaata 23996
 cgtaagaagt taccagattt gatgtaatgt ttgtcataaa aaatatgtac atcattatat 24056
 acgtctgtaa ttaacacaag atcacatcga agaattactg aagccgctgt gaaacctttc 24116
 acaagacgat ataaacttgg ttaagtgtat tg atg ggg ctc ttt gga ctg aca 24169
 Met Gly Leu Phe Gly Leu Thr

3080

cgc	ttt	atc	cat	gaa	cat	aaa	ctg	gtt	aaa	ccc	agc	atc	att	tca	24214
Arg	Phe	Ile	His	Glu	His	Lys	Leu	Val	Lys	Pro	Ser	Ile	Ile	Ser	
3085					3090					3095					
acg	cca	ccc	gga	gtt	tta	acc	ccc	gtg	gcg	gta	gac	gta	tgg	aac	24259
Thr	Pro	Pro	Gly	Val	Leu	Thr	Pro	Val	Ala	Val	Asp	Val	Trp	Asn	
3100					3105					3110					
gtc	atg	tac	aca	ttg	ttg	gaa	cgt	tta	tac	cct	gtg	ggt	aaa	cgc	24304
Val	Met	Tyr	Thr	Leu	Leu	Glu	Arg	Leu	Tyr	Pro	Val	Gly	Lys	Arg	
3115					3120					3125					
gag	aat	tta	cac	gga	cca	tct	gta	acg	ata	cat	tgt	ctt	gga	gtc	24349
Glu	Asn	Leu	His	Gly	Pro	Ser	Val	Thr	Ile	His	Cys	Leu	Gly	Val	
3130					3135					3140					
tta	ttg	cgg	cta	tta	aca	caa	cgg	tca	tac	tat	ccg	ata	ttt	gta	24394
Leu	Leu	Arg	Leu	Leu	Thr	Gln	Arg	Ser	Tyr	Tyr	Pro	Ile	Phe	Val	
3145					3150					3155					
ttg	gaa	cgt	tgt	aca	gac	ggc	cca	tta	tca	cgt	gga	gcc	aag	gca	24439
Leu	Glu	Arg	Cys	Thr	Asp	Gly	Pro	Leu	Ser	Arg	Gly	Ala	Lys	Ala	
3160					3165					3170					
att	atg	tca	cgg	gcc	atg	aac	cac	gat	gaa	agg	gga	acc	tcg	gac	24484
Ile	Met	Ser	Arg	Ala	Met	Asn	His	Asp	Glu	Arg	Gly	Thr	Ser	Asp	
3175					3180					3185					
tta	acc	cgt	gtt	cta	cta	tca	tcc	aac	aca	tca	tgt	tct	atc	aag	24529
Leu	Thr	Arg	Val	Leu	Leu	Ser	Ser	Asn	Thr	Ser	Cys	Ser	Ile	Lys	
3190					3195					3200					
tat	aac	aaa	aca	tcg	gaa	aca	tat	gac	agt	gtg	ttt	cga	aac	tct	24574
Tyr	Asn	Lys	Thr	Ser	Glu	Thr	Tyr	Asp	Ser	Val	Phe	Arg	Asn	Ser	
3205					3210					3215					
tcc	acg	agt	tgt	att	cct	agc	gaa	gaa	aac	aaa	tcc	cag	gat	atg	24619
Ser	Thr	Ser	Cys	Ile	Pro	Ser	Glu	Glu	Asn	Lys	Ser	Gln	Asp	Met	
3220					3225					3230					
ttt	ttg	gac	ggt	tgt	cca	cga	caa	act	gac	aag	acg	atc	tgc	ctg	24664
Phe	Leu	Asp	Gly	Cys	Pro	Arg	Gln	Thr	Asp	Lys	Thr	Ile	Cys	Leu	
3235					3240					3245					
cgc	gac	caa	aac	gta	tgc	agt	ctt	acc	tct	aca	atg	cca	tcc	cga	24709
Arg	Asp	Gln	Asn	Val	Cys	Ser	Leu	Thr	Ser	Thr	Met	Pro	Ser	Arg	
3250					3255					3260					
gga	cat	cct	aac	cat	cga	tta	tat	cac	aaa	ttg	tgt	gca	agt	ctt	24754

Gly 3265	His	Pro	Asn	His	Arg 3270	Leu	Tyr	His	Lys	Leu 3275	Cys	Ala	Ser	Leu	
att	aga	tgg	atg	ggg	tat	gca	tac	gtc	gag	gcg	gtt	gac	att	gag	24799
Ile 3280	Arg	Trp	Met	Gly	Tyr 3285	Ala	Tyr	Val	Glu	Ala 3290	Val	Asp	Ile	Glu	
gcg	gac	gag	gca	tgt	gca	aac	tta	ttt	cat	acg	cgt	aca	gtg	gct	24844
Ala 3295	Asp	Glu	Ala	Cys	Ala 3300	Asn	Leu	Phe	His	Thr 3305	Arg	Thr	Val	Ala	
ttg	gtt	tat	acg	aca	gat	act	gat	tta	ctc	ttc	atg	ggc	tgt	gat	24889
Leu 3310	Val	Tyr	Thr	Thr	Asp 3315	Thr	Asp	Leu	Leu	Phe 3320	Met	Gly	Cys	Asp	
att	ttg	tta	gat	gca	att	cct	atg	ttt	gct	cca	gta	gta	cga	tgt	24934
Ile 3325	Leu	Leu	Asp	Ala	Ile 3330	Pro	Met	Phe	Ala	Pro 3335	Val	Val	Arg	Cys	
cgc	gat	ttg	ctt	caa	tat	tta	gga	att	aca	tac	cct	gaa	ttt	ttg	24979
Arg 3340	Asp	Leu	Leu	Gln	Tyr 3345	Leu	Gly	Ile	Thr	Tyr 3350	Pro	Glu	Phe	Leu	
gtt	gcc	ttt	gtt	cgc	tgt	cag	acc	gat	ttg	cat	aca	agt	gac	aac	25024
Val 3355	Ala	Phe	Val	Arg	Cys 3360	Gln	Thr	Asp	Leu	His 3365	Thr	Ser	Asp	Asn	
cta	aaa	tct	gtt	cag	caa	gtt	att	cag	gat	acc	ggc	ctg	aaa	gtt	25069
Leu 3370	Lys	Ser	Val	Gln	Gln 3375	Val	Ile	Gln	Asp	Thr 3380	Gly	Leu	Lys	Val	
cca	cat	caa	atg	gac	act	tca	acg	cgc	tcc	ccc	act	tac	gac	tcg	25114
Pro 3385	His	Gln	Met	Asp	Thr 3390	Ser	Thr	Arg	Ser	Pro 3395	Thr	Tyr	Asp	Ser	
tgg	aga	cat	ggc	gag	gtt	ttc	aaa	agt	ctt	acc	gta	gcc	acg	tcg	25159
Trp 3400	Arg	His	Gly	Glu	Val 3405	Phe	Lys	Ser	Leu	Thr 3410	Val	Ala	Thr	Ser	
ggt	aaa	aca	gaa	aac	gga	gtg	tcc	gtt	tcc	aaa	tat	gca	tct	aac	25204
Gly 3415	Lys	Thr	Glu	Asn	Gly 3420	Val	Ser	Val	Ser	Lys 3425	Tyr	Ala	Ser	Asn	
cga	tcg	gag	gtg	aca	gta	gac	gcc	agt	tgg	gct	tta	aac	ctt	ctg	25249
Arg 3430	Ser	Glu	Val	Thr	Val 3435	Asp	Ala	Ser	Trp	Ala 3440	Leu	Asn	Leu	Leu	
cca	ccc	tca	tcc	tcc	cca	ttg	gat	aat	ttg	gaa	cgc	gca	ttt	gtt	25294
Pro 3445	Pro	Ser	Ser	Ser	Pro 3450	Leu	Asp	Asn	Leu	Glu 3455	Arg	Ala	Phe	Val	

gaa cat ata atc gcc gtg gta act cca ttg acc cgc ggt cgc cta	25339
Glu His Ile Ile Ala Val Val Thr Pro Leu Thr Arg Gly Arg Leu	
3460 3465 3470	
aag tta atg aaa cgt gta aat att atg caa aat acg gca gac cca	25384
Lys Leu Met Lys Arg Val Asn Ile Met Gln Asn Thr Ala Asp Pro	
3475 3480 3485	
tat atg gtt att aac acc tta tat cat aac tta aag ggg gaa aaa	25429
Tyr Met Val Ile Asn Thr Leu Tyr His Asn Leu Lys Gly Glu Lys	
3490 3495 3500	
atg gct cgc caa tac gca cgt att ttt aaa cag ttt att cct act	25474
Met Ala Arg Gln Tyr Ala Arg Ile Phe Lys Gln Phe Ile Pro Thr	
3505 3510 3515	
cca ctc cca cta aac act gta tta aca aaa tat tgg aat taa	25516
Pro Leu Pro Leu Asn Thr Val Leu Thr Lys Tyr Trp Asn	
3520 3525 3530	
aacacacata agagcgactt aatgggttcat tgtttttatit tgctcgtata tacatgttat	25576
aaatcgttta tcaactgtgcc cgcataagat gtactgtgtc tctcaaaaaa atttgtgttt	25636
ttatctgcaa tcataaatgc aagtggaaag tccgaatcgg gaggtgggggt gttaaatagt	25696
tttggtacat taatcgctga taaaagcctg tccgcgctga atttcacgta ttgtgtaatt	25756
gcatcgacgt tcaccaaacg ggttttgggt gcatgggatt ttaaaaacgc acactcgatt	25816
tcaacggctt ccgaaaacag ttgatgtatt ctgggtgatag cgggtttttc gggtacatag	25876
ttattgtata tacaacacga tgcgctggta tgtatggctt catctcggct tataagggtcg	25936
ttaaattgac aagtacaac aaatagtccg ttattgcgta aatatgcaat agccgcgaac	25996
gatgatacaa aaaaaatgcc ctctataaga atcattagta tatatttttc tgcaacggat	26056
gggttgtccc gtaccttttc ttccaaccat tgtacttttt gttggatcga cggattatta	26116
atagtgacat ttacgtattg taccgcgaac gattcatccc ctctgaacaa cattagttga	26176
atttgactat agacacgcgc gtggacaacc tcgatgcact cttgttcaat gtagtaatgg	26236
tgaatatcct tttgggaaaa gagttgggtt agagagccca aattaacatt taccagatca	26296
tctgccgccg ataaaaatgt aaaaataaat ctgtagaata ttagttcatc ttccgttaaa	26356
cagtccaagt attgataatc atcttcaatg ataaaatcgc tttctaacca acgattcgaa	26416

atgctcaggg cacgtaaatt gtttatatct ggacactccg gcctgtaaaa aaaatgactg 26476
caatctttct gatccatttt ggaatagttt cccgtgtaaa ttataaagc acaactggta 26536
cagggttaatt cgcctcccg aaacagtccg ctgttcgtag ctttacgaat ttacagtag 26596
tacatacccg ttttaaggcc ggctttatag gcacgtataa gcaaattcat tatittggag 26656
gcgggaattg tcccgtctgg gcgttcctca ataaataaag tcattgattg actttggta 26716
ataaatggcg ccttttctgc acacatatca acgagatcct cttgctcata ttcaaagct 26776
gttttatatt ttaagagtgg gtgactatta gataaacagc caaacgaacg tattactgac 26836
cattggtttt tctcaagtat gtttataact tccagtcgtt tttcttcaca tgaatacata 26896
tctcttagtt cgtccataag gtctaagttg ggtctaagta actcaccga ggtggtgacc 26956
ttactaaaca tattattata aattggagag aaaccctcac tgcactccgt tacctgtgca 27016
gatgaaactg tgggcattaa cgctaagaac tgcgagttgt ataaccata agcgcaaata 27076
tcatctcgca gggtaacca tggtaaactt aaataactta tcgtagaaaa cccatcttgg 27136
tgtaaccatc ccttagcata ttacttttcg gtaaaaccct taaacggggc taagccgcca 27196
atcttacaca tttccatgct tgttttcatt gtctcataca acattaactc cgctatttgt 27256
acatttaacc gtctagctgg ttgggaagtt aaatcaaata ctaagcggag acaagttgta 27316
tgtaaccctt gtagccaat gccaagtgtat cggttgtttt ttacaccttt acatgatatt 27376
ttacatggaa agttcccagc cgccaggacc ccgtttaaaa aaataacagt cgttcttgct 27436
gtcaattgaa ggtcgtttta attaaatgac actgggcctt tggataagca cgttgtaaga 27496
tttatgctgg caagattaca tacgccatgt tgatgagcgt ctgccttttg aacaatttcc 27556
gtacacaaat ttgacccgt gatagcattt ccttgggtat tcatatgata attacgatta 27616
caggcatctt tgaacattaa aaaggggctt cctgttacag cagcactgcg tatgattgtg 27676
aatgcgatat ctggaatggg aacagaagaa acgcctaata cttctctctc taaacgtaaa 27736
taggttgaag tgaatgcctc cccgtgtaat gttcgaagga tatcggtctt gttatcaaaa 27796
agagtccact gaacattact agcccccttt agatagctta ggtatctttc aaaaaataaa 27856
tctgggggtcc ataaacaaca aaatatgtta tcacatcgaa atatttcata acgaaccaac 27916

attccacgtg tggccaaaac agtttgtaga tcgacgtgcc atggttctat gtaaacacaa 27976
actccagttg gtcgttcaca atcactgita attgccataa ccatgcaatc taaaagtttt 28036
aaaactgcaa gaagaccttt cgtttgattt tccgtaggta ttaaattcag actctgtaga 28096
gaaattccca ctccacctcg actttgtaat accgttccca catcgctgtg gatagctcga 28156
acagctctcc caacagtgat ggattccggg tccattaaat aacaactggc cgttgccccg 28216
gtctctcgac ctaaaaacat cataaccggg gtagccggga caattttctg acatgccaac 28276
gctgtgaaaa ataccgcaca gacatcagtc catgtataac catcatttat tccgggaata 28336
agagttgcga ttttaggcag gtttacgatt tctgttgtca cgggtggccgc cagtcttaaa 28396
aagaattggc aaagcgactc taatttacct tcctctaact tagttaaata aaagtcttcg 28456
tactttaag cagactgtag tccaagggtg gctaaagcgg ggtattgac tttcaaaaac 28516
ggttctaata tagcccgacg aatttcgtcc ctccgccctt caattgcttg gcggactcgg 28576
ggagttaaac agagaattgg ggaagtcaac cacgtttcca tggaaacgga tcgtaggtta 28636
atacggcaat ggataagttc tccacaacat cggtaactc gtcattcttg tcgcgtcacc 28696
gccttaagtt ttgagacgat agtgctaata tactccatta attccaccgg tgtggttgat 28756
tcgggcggaa tgatgtattc cttgtagcca tgttgacata atcggtttat aatgtcatga 28816
accgtattaa aaattctttt gaactccata acggataacg tatttaggct ccggaataaa 28876
cctttaaacc ctaaaactac agctgagtta gttctacaat attgtagact cccttatata 28936
tggttacgta cagcctgccc ctcccagta tataatatca cgcaaaaccc acgctatggt 28996
aaattcagtt tattttacat acatgcttta ataataacat tcgttccatg tatttgtacc 29056
ccccacaca accccctcta accaaatagt tggcacgtta taacctccga accgttccat 29116
gcgtcttgta taacgcacag actctgatgg aattgttcca attaacgtat atgccgcata 29176
catgcaggat aattgtgtgg gaagtccccg aaaatcgccg gtccattgat acaatcgctg 29236
tctagccaag ttccaattta ctctgtaat ttgcgaata ctacatcgag ggcttgtcgg 29296
gtcattggat aactgcacaa gcggcaacgc ctttgtgtta tatggctggg gggtatttgc 29356
aacccttca gtccccagg cggcattttc agctcgtatg cgtcctaaca ggaagccaat 29416

accacgacca	aaacattggt	cgtttagttg	gcttaattgca	agatgcagtc	ttacaccttc	29476
tcgttggcgt	cgctgtgtat	atacaaaaac	caagaacaca	tgcttcagtc	cgtccgcgga	29536
aagatgtaaa	tctttgtcaa	cgtcccaaaa	tacgcaggcc	gggatgttgg	ctgtgaccct	29596
gcgagttgaa	gttttgtctg	tacgtgcagc	ttcttgggga	cctttggcca	cggcggttat	29656
attgcataaa	ttatcctgaa	tggtatattc	cagcaggggac	ccaaaaaac	ttataaatcg	29716
atgtggaaat	acatgacatt	gtaccatcgc	acgtaaacac	tccgaaaacc	ttatgagccg	29776
cgtttccata	cgactgcata	cataggcaga	aacaattgct	gttctgttgg	catccgctgc	29836
ctgtttatcc	gtatatctct	ctgcccggca	tgcggcgatg	aaacttaatg	acgttacata	29896
tgctctaagc	ccccacctt	ctccaacggt	ccaaggagcc	gtgcaggcat	tgaatagggt	29956
tcgtaaacc	tctagtagta	catcggggtc	acgtccagcc	tgtgtaagt	tattagcttc	30016
tccaatcatg	tcagatggat	gacgaaggat	taagacgatt	gaccagcat	gctcaatgtc	30076
cggacgaaaa	aaatcggtta	atgacacttg	ttggattagc	tgtgtcgttg	atttaaaatt	30136
atttaacggg	agtctaattg	taacttgcgg	gttaccaatt	gaagttggat	ttatttgaat	30196
gttgttcata	cgattaataa	caattgaacg	gggggttact	tgaatagacg	cggtttctgt	30256
acgttttggg	ggtacatgta	tcggttggtt	gttcagacct	ccaaagcgag	ggccaattgt	30316
taaatcgaga	ctccaatttc	cgaagaagcc	cggagcataa	gtcatatgaa	gcccgttccc	30376
tatttgaata	aaacggttat	ttcctaaaag	actgatatta	gttccacata	gcgtttgttc	30436
gtttaaagta	aaatgcgagt	tggttggttg	actccccata	gctgaggggt	taaattcaca	30496
caatgcaatc	gtgacgtggt	actatctgaa	atgttgcctg	gggtatgtgt	acacattata	30556
cagtcgtagt	accgtttata	taatgttagg	taggaggagc	ctataaaaat	attttgattg	30616
gcgttaaaag	gttcttcaac	ttaccgtgac	gtccttttta	ttaacatgcg	tttttattga	30676
tgttacattt	atgtcttttc	attccggacg	gatgtagctt	ttcatatca	cgttataaag	30736
ttaagtcagc	gtagaatata	cc atg gaa gaa	cca att tgt tat gat	aca		30785
		Met Glu Glu	Pro Ile Cys Tyr Asp	Thr		
			3535		3540	

caa aaa ctt ttg gat gat tta agt aac ttg aaa gta caa gaa gcg 30830

Gln	Lys	Leu	Leu	Asp	Asp	Leu	Ser	Asn	Leu	Lys	Val	Gln	Glu	Ala	
			3545					3550					3555		
gac	aac	gaa	aga	cca	tgg	tca	cca	gag	aaa	aca	gaa	atc	gcc	aga	30875
Asp	Asn	Glu	Arg	Pro	Trp	Ser	Pro	Glu	Lys	Thr	Glu	Ile	Ala	Arg	
			3560					3565					3570		
gtt	aag	gta	gtt	aag	ttt	tta	cga	tct	acc	cag	aaa	att	cca	gct	30920
Val	Lys	Val	Val	Lys	Phe	Leu	Arg	Ser	Thr	Gln	Lys	Ile	Pro	Ala	
			3575					3580					3585		
aaa	cat	ttt	att	cag	ata	tgg	gaa	ccc	ctg	cat	tct	aat	atc	tgt	30965
Lys	His	Phe	Ile	Gln	Ile	Trp	Glu	Pro	Leu	His	Ser	Asn	Ile	Cys	
			3590					3595					3600		
ttt	gta	tat	tcc	aat	aca	ttt	ttg	gcg	gag	gct	gct	ttc	acg	gcc	31010
Phe	Val	Tyr	Ser	Asn	Thr	Phe	Leu	Ala	Glu	Ala	Ala	Phe	Thr	Ala	
			3605					3610					3615		
gaa	aat	tta	ccc	gga	ctg	ttg	ttt	tgg	aga	cta	gat	cta	gac	tgg	31055
Glu	Asn	Leu	Pro	Gly	Leu	Leu	Phe	Trp	Arg	Leu	Asp	Leu	Asp	Trp	
			3620					3625					3630		
acg	ata	gag	gag	cca	ggt	aat	agc	tta	aaa	att	tta	acc	cag	cta	31100
Thr	Ile	Glu	Glu	Pro	Gly	Asn	Ser	Leu	Lys	Ile	Leu	Thr	Gln	Leu	
			3635					3640					3645		
tca	agt	gta	gta	caa	gat	tcc	gag	acg	tta	cat	cgt	tta	tcg	gcc	31145
Ser	Ser	Val	Val	Gln	Asp	Ser	Glu	Thr	Leu	His	Arg	Leu	Ser	Ala	
			3650					3655					3660		
aat	aaa	tta	cga	acc	tcg	tct	aaa	ttt	gga	ccc	gtt	tcg	ata	cac	31190
Asn	Lys	Leu	Arg	Thr	Ser	Ser	Lys	Phe	Gly	Pro	Val	Ser	Ile	His	
			3665					3670					3675		
ttc	att	ata	acg	gac	tgg	ata	aat	atg	tac	gag	gtc	gcc	tta	aag	31235
Phe	Ile	Ile	Thr	Asp	Trp	Ile	Asn	Met	Tyr	Glu	Val	Ala	Leu	Lys	
			3680					3685					3690		
gat	gca	aca	aca	gcc	att	gaa	tca	cca	ttc	act	cac	gct	cgt	att	31280
Asp	Ala	Thr	Thr	Ala	Ile	Glu	Ser	Pro	Phe	Thr	His	Ala	Arg	Ile	
			3695					3700					3705		
gga	atg	ttg	gaa	agc	gcc	att	gca	gct	tta	aca	caa	cat	aaa	ttt	31325
Gly	Met	Leu	Glu	Ser	Ala	Ile	Ala	Ala	Leu	Thr	Gln	His	Lys	Phe	
			3710					3715					3720		
gcg	atc	att	tac	gat	atg	cca	ttt	gtt	caa	gag	ggg	att	cgt	gtt	31370
Ala	Ile	Ile	Tyr	Asp	Met	Pro	Phe	Val	Gln	Glu	Gly	Ile	Arg	Val	
			3725					3730					3735		

tta	aca	caa	tat	gca	gga	tgg	ctt	ctt	ccg	ttt	aat	gtt	atg	tgg	31415
Leu	Thr	Gln	Tyr	Ala	Gly	Trp	Leu	Leu	Pro	Phe	Asn	Val	Met	Trp	
			3740					3745						3750	
aat	cag	att	caa	aat	agc	tca	ctc	act	cct	cta	aca	cga	gcc	ctt	31460
Asn	Gln	Ile	Gln	Asn	Ser	Ser	Leu	Thr	Pro	Leu	Thr	Arg	Ala	Leu	
			3755					3760						3765	
ttt	ata	atc	tgt	atg	att	gat	gaa	tat	ctc	acg	gaa	acg	cca	gta	31505
Phe	Ile	Ile	Cys	Met	Ile	Asp	Glu	Tyr	Leu	Thr	Glu	Thr	Pro	Val	
			3770					3775						3780	
cat	agc	ata	tca	gaa	tta	ttt	gca	gat	act	gta	aat	tta	att	aaa	31550
His	Ser	Ile	Ser	Glu	Leu	Phe	Ala	Asp	Thr	Val	Asn	Leu	Ile	Lys	
			3785					3790						3795	
gat	gag	gcg	ttc	gta	tcc	atc	gaa	gaa	gcg	gta	acg	aat	cca	cga	31595
Asp	Glu	Ala	Phe	Val	Ser	Ile	Glu	Glu	Ala	Val	Thr	Asn	Pro	Arg	
			3800					3805						3810	
acg	gtg	cac	gag	tca	cga	att	tcc	tca	gct	ctg	gct	tat	cga	gac	31640
Thr	Val	His	Glu	Ser	Arg	Ile	Ser	Ser	Ala	Leu	Ala	Tyr	Arg	Asp	
			3815					3820						3825	
cct	tat	gtt	ttt	gag	aca	tcc	ccg	gga	atg	ctt	gct	agg	aga	ctt	31685
Pro	Tyr	Val	Phe	Glu	Thr	Ser	Pro	Gly	Met	Leu	Ala	Arg	Arg	Leu	
			3830					3835						3840	
aga	tta	gac	aat	ggt	ata	tgg	gaa	agc	aac	ctc	tta	tcg	ttg	tcc	31730
Arg	Leu	Asp	Asn	Gly	Ile	Trp	Glu	Ser	Asn	Leu	Leu	Ser	Leu	Ser	
			3845					3850						3855	
acc	ccc	gga	att	cat	att	gag	gcg	ctg	tta	cat	tta	cta	aac	tcc	31775
Thr	Pro	Gly	Ile	His	Ile	Glu	Ala	Leu	Leu	His	Leu	Leu	Asn	Ser	
			3860					3865						3870	
gac	ccg	gaa	gcg	gaa	acc	aca	tct	gga	agt	aat	gta	gca	gaa	cac	31820
Asp	Pro	Glu	Ala	Glu	Thr	Thr	Ser	Gly	Ser	Asn	Val	Ala	Glu	His	
			3875					3880						3885	
acc	cgt	ggc	att	tgg	gaa	aag	gtt	cag	gct	agt	aca	tcg	cct	agt	31865
Thr	Arg	Gly	Ile	Trp	Glu	Lys	Val	Gln	Ala	Ser	Thr	Ser	Pro	Ser	
			3890					3895						3900	
atg	tta	ata	agc	acc	ctt	gcc	gaa	tcc	ggg	ttt	aca	aga	ttt	tca	31910
Met	Leu	Ile	Ser	Thr	Leu	Ala	Glu	Ser	Gly	Phe	Thr	Arg	Phe	Ser	
			3905					3910						3915	
tgc	aaa	ttg	cta	cgt	cgg	ttt	att	gct	cac	cac	aca	ctc	gcc	ggt	31955

Cys	Lys	Leu	Leu	Arg	Arg	Phe	Ile	Ala	His	His	Thr	Leu	Ala	Gly	
			3920					3925					3930		
ttt	att	cac	gga	agc	gtt	gta	gca	gac	gag	cat	att	aca	gat	ttc	32000
Phe	Ile	His	Gly	Ser	Val	Val	Ala	Asp	Glu	His	Ile	Thr	Asp	Phe	
			3935					3940					3945		
caa	caa	aca	cta	gga	tgt	ctc	gct	tta	gtg	ggt	gga	ctg	gca	tac	32045
Gln	Gln	Thr	Leu	Gly	Cys	Leu	Ala	Leu	Val	Gly	Gly	Leu	Ala	Tyr	
			3950					3955					3960		
caa	tta	gtg	gaa	acg	tac	gct	cct	act	acc	gag	tat	gtg	tta	aca	32090
Gln	Leu	Val	Glu	Thr	Tyr	Ala	Pro	Thr	Thr	Glu	Tyr	Val	Leu	Thr	
			3965					3970					3975		
tat	aca	cgg	aca	gta	aac	gag	acc	gaa	aaa	cgg	tat	gaa	acg	cta	32135
Tyr	Thr	Arg	Thr	Val	Asn	Glu	Thr	Glu	Lys	Arg	Tyr	Glu	Thr	Leu	
			3980					3985					3990		
tta	ccc	gcc	tta	gga	tta	cca	ccg	gga	ggc	ctg	gga	caa	att	atg	32180
Leu	Pro	Ala	Leu	Gly	Leu	Pro	Pro	Gly	Gly	Leu	Gly	Gln	Ile	Met	
			3995					4000					4005		
cgg	cgc	tgt	ttt	gct	cca	cga	ccc	ctt	att	gaa	agt	ata	caa	gcg	32225
Arg	Arg	Cys	Phe	Ala	Pro	Arg	Pro	Leu	Ile	Glu	Ser	Ile	Gln	Ala	
			4010					4015					4020		
aca	cgc	gta	ata	cta	ctt	aat	gaa	att	tca	cat	gca	gaa	gct	aga	32270
Thr	Arg	Val	Ile	Leu	Leu	Asn	Glu	Ile	Ser	His	Ala	Glu	Ala	Arg	
			4025					4030					4035		
gag	aca	aca	tat	ttt	aag	caa	aca	cat	aat	caa	tcc	tca	ggt	gcg	32315
Glu	Thr	Thr	Tyr	Phe	Lys	Gln	Thr	His	Asn	Gln	Ser	Ser	Gly	Ala	
			4040					4045					4050		
tta	tta	cca	caa	gca	gga	caa	agt	gcc	gta	cgc	gaa	gcc	gta	cta	32360
Leu	Leu	Pro	Gln	Ala	Gly	Gln	Ser	Ala	Val	Arg	Glu	Ala	Val	Leu	
			4055					4060					4065		
acc	tgg	ttt	gac	cta	cgt	atg	gat	tca	aga	tgg	ggt	att	act	ccc	32405
Thr	Trp	Phe	Asp	Leu	Arg	Met	Asp	Ser	Arg	Trp	Gly	Ile	Thr	Pro	
			4070					4075					4080		
ccg	gtg	gat	gtg	ggt	atg	aca	cct	cct	att	tgt	gtt	gat	cca	ccg	32450
Pro	Val	Asp	Val	Gly	Met	Thr	Pro	Pro	Ile	Cys	Val	Asp	Pro	Pro	
			4085					4090					4095		
gct	aca	ggg	ttg	gaa	gct	gtc	atg	ata	aca	gaa	gca	cta	aag	att	32495
Ala	Thr	Gly	Leu	Glu	Ala	Val	Met	Ile	Thr	Glu	Ala	Leu	Lys	Ile	
			4100					4105					4110		

gca tat cct acc gaa tat aat cgc tct agc gtg ttt gtg gaa ccg	32540
Ala Tyr Pro Thr Glu Tyr Asn Arg Ser Ser Val Phe Val Glu Pro	
4115 4120 4125	
tcg ttt gtg cct tat att att gca aca agc acg ctt gat gcc ctt	32585
Ser Phe Val Pro Tyr Ile Ile Ala Thr Ser Thr Leu Asp Ala Leu	
4130 4135 4140	
tcg gca aca ata gct ttg tct ttt gat aca cgg gga ata cag caa	32630
Ser Ala Thr Ile Ala Leu Ser Phe Asp Thr Arg Gly Ile Gln Gln	
4145 4150 4155	
gcc ttg tct att ctt cag tgg gct cgc gat tat gga tcc gga acc	32675
Ala Leu Ser Ile Leu Gln Trp Ala Arg Asp Tyr Gly Ser Gly Thr	
4160 4165 4170	
gtg ccc aat gca gat gga tat cgc aca aaa cta tct gct ctt ata	32720
Val Pro Asn Ala Asp Gly Tyr Arg Thr Lys Leu Ser Ala Leu Ile	
4175 4180 4185	
aca ata tta gaa cct ttt acc cgt aca cac ccc cca gta ctt tta	32765
Thr Ile Leu Glu Pro Phe Thr Arg Thr His Pro Pro Val Leu Leu	
4190 4195 4200	
cca tct cac gtt tct act ata gat tcc ctt ata tgc gaa ctt cat	32810
Pro Ser His Val Ser Thr Ile Asp Ser Leu Ile Cys Glu Leu His	
4205 4210 4215	
cgg act gtt ggc att gcc gtt gac ctg ctt ccc cag cac gtc cgt	32855
Arg Thr Val Gly Ile Ala Val Asp Leu Leu Pro Gln His Val Arg	
4220 4225 4230	
cct ttg gtt cct gac cgt cct tct att aca aat agc gtt ttt tta	32900
Pro Leu Val Pro Asp Arg Pro Ser Ile Thr Asn Ser Val Phe Leu	
4235 4240 4245	
gca act ctc tat tat gat gaa ctt tac ggt cgt tgg acc cga ctg	32945
Ala Thr Leu Tyr Tyr Asp Glu Leu Tyr Gly Arg Trp Thr Arg Leu	
4250 4255 4260	
gat aaa aca tcg cag gcg ttg gtt gaa aat ttt aca tcc aac gcg	32990
Asp Lys Thr Ser Gln Ala Leu Val Glu Asn Phe Thr Ser Asn Ala	
4265 4270 4275	
tta gtg gtt tct cgg tac atg tta atg tta caa aaa ttt ttt gcg	33035
Leu Val Val Ser Arg Tyr Met Leu Met Leu Gln Lys Phe Phe Ala	
4280 4285 4290	
tgt cgt ttt tat cca acg cca gat ctt cag gct gtt ggt atc tgt	33080

Cys	Arg	Phe	Tyr	Pro	Thr	Pro	Asp	Leu	Gln	Ala	Val	Gly	Ile	Cys	
			4295					4300					4305		
aac	cca	aag	gtt	gaa	cgc	gat	gaa	caa	ttt	ggg	gta	tgg	cgt	tta	33125
Asn	Pro	Lys	Val	Glu	Arg	Asp	Glu	Gln	Phe	Gly	Val	Trp	Arg	Leu	
			4310					4315					4320		
aac	gat	ctt	gct	gat	gcg	gtt	ggc	cat	att	gtt	ggg	aca	ata	caa	33170
Asn	Asp	Leu	Ala	Asp	Ala	Val	Gly	His	Ile	Val	Gly	Thr	Ile	Gln	
			4325					4330					4335		
gga	atc	cga	acg	caa	atg	aga	gtg	gga	ata	tcc	agc	ctg	cgc	aca	33215
Gly	Ile	Arg	Thr	Gln	Met	Arg	Val	Gly	Ile	Ser	Ser	Leu	Arg	Thr	
			4340					4345					4350		
att	atg	gcc	gat	gct	tcc	tca	gcc	ctt	agg	gaa	tgt	gaa	aat	tta	33260
Ile	Met	Ala	Asp	Ala	Ser	Ser	Ala	Leu	Arg	Glu	Cys	Glu	Asn	Leu	
			4355					4360					4365		
atg	act	aaa	acc	tcc	act	tct	gct	att	ggg	cct	ctt	ttt	tca	acg	33305
Met	Thr	Lys	Thr	Ser	Thr	Ser	Ala	Ile	Gly	Pro	Leu	Phe	Ser	Thr	
			4370					4375					4380		
atg	gct	tcc	cgg	tat	gca	cgg	ttt	aca	cag	gat	caa	atg	gac	att	33350
Met	Ala	Ser	Arg	Tyr	Ala	Arg	Phe	Thr	Gln	Asp	Gln	Met	Asp	Ile	
			4385					4390					4395		
tta	atg	cgt	gtt	gac	aaa	cta	aca	aca	gga	gaa	aat	ata	ccc	ggc	33395
Leu	Met	Arg	Val	Asp	Lys	Leu	Thr	Thr	Gly	Glu	Asn	Ile	Pro	Gly	
			4400					4405					4410		
ctt	gca	aat	gta	gag	att	ttt	tta	aat	agg	tgg	gaa	cga	ata	gca	33440
Leu	Ala	Asn	Val	Glu	Ile	Phe	Leu	Asn	Arg	Trp	Glu	Arg	Ile	Ala	
			4415					4420					4425		
aca	gct	tgt	agg	cat	gcc	acg	gca	gtc	ccg	tcg	gcc	gaa	tct	att	33485
Thr	Ala	Cys	Arg	His	Ala	Thr	Ala	Val	Pro	Ser	Ala	Glu	Ser	Ile	
			4430					4435					4440		
gca	acc	gtg	tgt	aat	gaa	ttg	agg	cgc	ggc	tta	aaa	aat	ata	caa	33530
Ala	Thr	Val	Cys	Asn	Glu	Leu	Arg	Arg	Gly	Leu	Lys	Asn	Ile	Gln	
			4445					4450					4455		
gag	gat	cgt	gta	aat	gcc	cca	acc	tca	tat	atg	agt	cac	gcc	cga	33575
Glu	Asp	Arg	Val	Asn	Ala	Pro	Thr	Ser	Tyr	Met	Ser	His	Ala	Arg	
			4460					4465					4470		
aat	ctg	gaa	gat	cac	aag	gca	gca	gtt	tca	ttc	gtt	atg	gac	tcc	33620
Asn	Leu	Glu	Asp	His	Lys	Ala	Ala	Val	Ser	Phe	Val	Met	Asp	Ser	
			4475					4480					4485		

agg caa cag ttt att gtg gat tct gga cct cag atg ggc gcg gtt Arg Gln Gln Phe Ile Val Asp Ser Gly Pro Gln Met Gly Ala Val 4490 4495 4500	33665
tta act tca caa tgt aat ata gga aca tgg gag aat gta aat gca Leu Thr Ser Gln Cys Asn Ile Gly Thr Trp Glu Asn Val Asn Ala 4505 4510 4515	33710
acg ttt tta cat gat aat gtt aaa ata acg aca acg gtc aga gac Thr Phe Leu His Asp Asn Val Lys Ile Thr Thr Thr Val Arg Asp 4520 4525 4530	33755
gta att tca gag gct ccg acg ctg ata ata gga caa aga tgg ctt Val Ile Ser Glu Ala Pro Thr Leu Ile Ile Gly Gln Arg Trp Leu 4535 4540 4545	33800
cgt cca gat gag att tta tct aat gta gat ttg cgt ctt ggc gta Arg Pro Asp Glu Ile Leu Ser Asn Val Asp Leu Arg Leu Gly Val 4550 4555 4560	33845
ccc ggg aat aca agt ggg agt gac cct taa tataaaacag gcgtgtttat Pro Gly Asn Thr Ser Gly Ser Asp Pro 4565 4570	33895
gtacattaaa gtatttgtgg tttttattga ctgggcgttt cgtttgtata acgctgttgt	33955
tgctagtatt ttcataacct cctaggtttt tggagctaca cgtgcttatt caacgctctt	34015
tgggatttga atcatcgtaa acgtagcgtc cctaccagtt gagcgcgtaa ttttcgtaag	34075
caataaa atg gat ata att ccg cct ata gct gtc act gtt gcg gga gtg Met Asp Ile Ile Pro Pro Ile Ala Val Thr Val Ala Gly Val 4575 4580	34124
gga agc cgt aat caa ttt gac ggt gcc ctg gga ccg gcg tca ggt Gly Ser Arg Asn Gln Phe Asp Gly Ala Leu Gly Pro Ala Ser Gly 4585 4590 4595	34169
ctg tca tgt tta aga aca tct tta tcg ttt ttg cat atg aca tat Leu Ser Cys Leu Arg Thr Ser Leu Ser Phe Leu His Met Thr Tyr 4600 4605 4610	34214
gcg cat gga att aat gca acc ctg tca tca gac atg att gat gga Ala His Gly Ile Asn Ala Thr Leu Ser Ser Asp Met Ile Asp Gly 4615 4620 4625	34259
tgt tta caa gag ggt gca gca tgg act acg gat ctg tct aat atg Cys Leu Gln Glu Gly Ala Ala Trp Thr Thr Asp Leu Ser Asn Met 4630 4635 4640	34304

ggg Gly 4645	agg Arg	ggt Gly	gtc Val	cca Pro	gat Asp 4650	atg Met	tgt Cys	gct Ala	ctt Leu	gtt Val 4655	gat Asp	ctc Leu	ccc Pro	aat Asn	34349
cga Arg 4660	att Ile	tca Ser	tat Tyr	att Ile	aaa Lys 4665	ctg Leu	ggg Gly	gac Asp	act Thr	acc Thr 4670	agt Ser	acg Thr	tgc Cys	tgc Cys	34394
gtt Val 4675	ttg Leu	tct Ser	aga Arg	ata Ile	tac Tyr 4680	ggc Gly	gat Asp	agc Ser	cat His	ttt Phe 4685	ttt Phe	acc Thr	gtt Val	cca Pro	34439
gac Asp 4690	gag Glu	ggt Gly	ttt Phe	atg Met	tgc Cys 4695	aca Thr	caa Gln	att Ile	ccc Pro	gct Ala 4700	aga Arg	gcg Ala	ttt Phe	ttc Phe	34484
gat Asp 4705	gat Asp	gtg Val	tgg Trp	atg Met	gga Gly 4710	cgt Arg	gaa Glu	gag Glu	tgc Ser	tat Tyr 4715	aca Thr	att Ile	ata Ile	act Thr	34529
gta Val 4720	gac Asp	tca Ser	acg Thr	gga Gly	atg Met 4725	gcc Ala	atc Ile	tat Tyr	cgt Arg	cag Gln 4730	gga Gly	aac Asn	ata Ile	tct Ser	34574
ttt Phe 4735	att Ile	ttt Phe	gat Asp	cca Pro	cat His 4740	ggc Gly	cat His	ggg Gly	act Thr	ata Ile 4745	gga Gly	cag Gln	gct Ala	gta Val	34619
gtt Val 4750	gtt Val	cgg Arg	gtg Val	aat Asn	acc Thr 4755	acg Thr	gat Asp	gtg Val	tac Tyr	tct Ser 4760	tat Tyr	atc Ile	gca Ala	tcg Ser	34664
gag Glu 4765	tat Tyr	acc Thr	cac His	cgc Arg	ccc Pro 4770	gat Asp	aac Asn	gta Val	gaa Glu	tcc Ser 4775	caa Gln	tgg Trp	gcc Ala	gct Ala	34709
gca Ala 4780	tta Leu	gtt Val	ttt Phe	ttt Phe	gtc Val 4785	acc Thr	gca Ala	aac Asn	gac Asp	ggt Gly 4790	ccc Pro	gta Val	agc Ser	gaa Glu	34754
gaa Glu 4795	gcg Ala	cta Leu	tct Ser	tcg Ser	gca Ala 4800	gta Val	acg Thr	ctt Leu	ata Ile	tac Tyr 4805	gga Gly	agc Ser	tgt Cys	gat Asp	34799
aca Thr 4810	tat Tyr	ttt Phe	aca Thr	gat Asp	gaa Glu 4815	caa Gln	tat Tyr	tgc Cys	gaa Glu	aaa Lys 4820	ctg Leu	gtt Val	aca Thr	gct Ala	34844
caa 4889	cat 4889	ccg 4889	ttg 4889	ctt 4889	ctt 4889	tca 4889	cct 4889	cct 4889	aat 4889	tcc 4889	acg 4889	aca 4889	att 4889	gtg 4889	34889

Gln 4825	His	Pro	Leu	Leu	Leu	Ser	Pro	Pro	Asn	Ser	Thr	Thr	Ile	Val	
					4830					4835					
ctt	aat	aaa	tcg	tct	ata	gta	cct	ctt	cac	caa	aac	gtt	ggt	gaa	34934
Leu	Asn	Lys	Ser	Ser	Ile	Val	Pro	Leu	His	Gln	Asn	Val	Gly	Glu	
4840					4845					4850					
agt	gta	tcc	ttg	gaa	gca	acc	cta	cat	tca	acg	tta	acc	aac	acg	34979
Ser	Val	Ser	Leu	Glu	Ala	Thr	Leu	His	Ser	Thr	Leu	Thr	Asn	Thr	
4855					4860					4865					
gtt	gca	ctg	gac	cct	aga	tgt	agt	tac	agc	gag	gtt	gat	cct	tgg	35024
Val	Ala	Leu	Asp	Pro	Arg	Cys	Ser	Tyr	Ser	Glu	Val	Asp	Pro	Trp	
4870					4875					4880					
cat	gcg	gtt	cta	gaa	aca	acc	tcg	act	ggg	tct	ggc	gtt	ttg	gat	35069
His	Ala	Val	Leu	Glu	Thr	Thr	Ser	Thr	Gly	Ser	Gly	Val	Leu	Asp	
4885					4890					4895					
tgt	cgt	cgt	aga	cgc	cgt	cct	tca	tgg	act	cct	cct	tca	agc	gag	35114
Cys	Arg	Arg	Arg	Arg	Arg	Pro	Ser	Trp	Thr	Pro	Pro	Ser	Ser	Glu	
4900					4905					4910					
gaa	aat	tta	gct	tgt	atc	gac	gat	ggc	ttg	gta	aat	aat	aca	cat	35159
Glu	Asn	Leu	Ala	Cys	Ile	Asp	Asp	Gly	Leu	Val	Asn	Asn	Thr	His	
4915					4920					4925					
tcc	acg	gat	aat	tta	cat	aaa	ccc	gct	aaa	aag	gtt	ctc	aaa	ttt	35204
Ser	Thr	Asp	Asn	Leu	His	Lys	Pro	Ala	Lys	Lys	Val	Leu	Lys	Phe	
4930					4935					4940					
aaa	cca	act	gta	gac	gtg	ccg	gat	aaa	aca	caa	gtg	gca	cat	gta	35249
Lys	Pro	Thr	Val	Asp	Val	Pro	Asp	Lys	Thr	Gln	Val	Ala	His	Val	
4945					4950					4955					
tta	ccc	cgc	cta	cga	gaa	gtt	gct	aac	acc	cca	gac	gtt	gtg	tta	35294
Leu	Pro	Arg	Leu	Arg	Glu	Val	Ala	Asn	Thr	Pro	Asp	Val	Val	Leu	
4960					4965					4970					
aat	gta	tcc	aat	gta	gat	acg	cct	gaa	tcc	agt	ccc	act	ttt	tca	35339
Asn	Val	Ser	Asn	Val	Asp	Thr	Pro	Glu	Ser	Ser	Pro	Thr	Phe	Ser	
4975					4980					4985					
cgg	aac	atg	aat	gta	gga	agc	agt	ttg	aaa	gat	cgg	aag	cca	ttt	35384
Arg	Asn	Met	Asn	Val	Gly	Ser	Ser	Leu	Lys	Asp	Arg	Lys	Pro	Phe	
4990					4995					5000					
cta	ttt	gaa	cag	agt	ggt	gat	gtc	aac	atg	gtt	gtc	gaa	aaa	cta	35429
Leu	Phe	Glu	Gln	Ser	Gly	Asp	Val	Asn	Met	Val	Val	Glu	Lys	Leu	
5005					5010					5015					

cta	caa	cat	ggg	cat	gaa	att	agc	aat	gga	tac	gta	caa	aat	gcg	35474
Leu	Gln	His	Gly	His	Glu	Ile	Ser	Asn	Gly	Tyr	Val	Gln	Asn	Ala	
5020					5025					5030					
gtg	ggt	acg	ttg	gat	act	gtt	att	acc	ggt	cat	aca	aat	gtt	ccc	35519
Val	Gly	Thr	Leu	Asp	Thr	Val	Ile	Thr	Gly	His	Thr	Asn	Val	Pro	
5035					5040					5045					
att	tgg	gta	aca	agg	ccc	ttg	gtt	atg	cca	gac	gaa	aag	gat	cca	35564
Ile	Trp	Val	Thr	Arg	Pro	Leu	Val	Met	Pro	Asp	Glu	Lys	Asp	Pro	
5050					5055					5060					
ttg	gag	ctt	ttt	att	aac	ctc	acc	att	ttg	cgt	tta	acg	gga	ttt	35609
Leu	Glu	Leu	Phe	Ile	Asn	Leu	Thr	Ile	Leu	Arg	Leu	Thr	Gly	Phe	
5065					5070					5075					
gtg	gtg	gaa	aat	gga	aca	cgt	aca	cat	cat	ggt	gct	aca	agc	gtt	35654
Val	Val	Glu	Asn	Gly	Thr	Arg	Thr	His	His	Gly	Ala	Thr	Ser	Val	
5080					5085					5090					
gta	tca	gac	ttt	ata	ggt	ccc	ctt	ggg	gaa	att	tta	aca	gga	ttt	35699
Val	Ser	Asp	Phe	Ile	Gly	Pro	Leu	Gly	Glu	Ile	Leu	Thr	Gly	Phe	
5095					5100					5105					
ccc	tcc	gcc	gcg	gaa	ctt	ata	cgc	gtt	aca	agt	ttg	ata	tta	aca	35744
Pro	Ser	Ala	Ala	Glu	Leu	Ile	Arg	Val	Thr	Ser	Leu	Ile	Leu	Thr	
5110					5115					5120					
aac	atg	ccg	ggg	gcg	gaa	tat	gct	att	aaa	act	gtt	ctc	cgg	aaa	35789
Asn	Met	Pro	Gly	Ala	Glu	Tyr	Ala	Ile	Lys	Thr	Val	Leu	Arg	Lys	
5125					5130					5135					
aaa	tgt	aca	att	ggc	atg	ctc	att	atc	gct	aag	ttt	ggt	cta	gtt	35834
Lys	Cys	Thr	Ile	Gly	Met	Leu	Ile	Ile	Ala	Lys	Phe	Gly	Leu	Val	
5140					5145					5150					
gcc	atg	cgg	gtt	cag	gat	aca	acc	ggc	gct	tta	cat	gcc	gaa	cta	35879
Ala	Met	Arg	Val	Gln	Asp	Thr	Thr	Gly	Ala	Leu	His	Ala	Glu	Leu	
5155					5160					5165					
gat	gtg	tta	gaa	gcg	gat	cta	gga	ggt	tcg	tcg	ccc	ata	gac	ctc	35924
Asp	Val	Leu	Glu	Ala	Asp	Leu	Gly	Gly	Ser	Ser	Pro	Ile	Asp	Leu	
5170					5175					5180					
tat	tct	aga	ctg	tcg	aca	ggt	ctt	ata	agt	ata	cta	aat	tcg	cct	35969
Tyr	Ser	Arg	Leu	Ser	Thr	Gly	Leu	Ile	Ser	Ile	Leu	Asn	Ser	Pro	
5185					5190					5195					
att	att	tct	cat	ccc	gga	ctt	ttt	gcc	gag	ctt	att	cca	acc	cgt	36014

Ile 5200	Ile Ser His Pro 5205	Gly Leu Phe Ala Glu Leu 5210	Ile Pro Thr Arg	
aca 5215	ggg tcc ctg tct 5220	gaa cga ata cgt ctt ctt 5225	tgt gaa tta gtc Cys Glu Leu Val	36059
tcg 5230	gcc cgg gag aca 5235	cgc tat atg cgt gaa cac 5240	acc gcg ctt gtt Thr Ala Leu Val	36104
tct 5245	agt gta aag gct tta 5250	gag aat gca tta cgg 5255	tct acc cgc aat Ser Thr Arg Asn	36149
aaa 5260	att gat gcc att caa 5265	ata cca gaa gtt ccc 5270	cag gaa ccc ccg Gln Glu Pro Pro	36194
gaa 5275	gaa acc gac att cca 5280	ccc gaa gag tta att 5285	cgg cgt gta tat Arg Arg Val Tyr	36239
gag 5290	ata cga tcc gaa gtt 5295	aca atg cta ttg acc 5300	tcg gct gtt aca Ser Ala Val Thr	36284
gaa 5305	tac ttc acc cgc gga 5310	gtg tta tat agc aca 5315	cgg gcc ttg atc Arg Ala Leu Ile	36329
gct 5320	gaa caa tcc cct agg 5325	cgt ttt cgg gtc gcg 5330	acc gca agt acg Thr Ala Ser Thr	36374
gca 5335	ccc att caa cgg ctt 5340	tta gat tct ctt ccg 5345	gaa ttc gac gct Glu Phe Asp Ala	36419
aaa 5350	tta acg gca atc ata 5355	tcg tcc ctg tct ata 5360	cac cct cct cct His Pro Pro Pro	36464
gag 5365	act ata caa aat ctc 5370	ccc gtc gta tct ctg 5375	tta aaa gag ctt Leu Lys Glu Leu	36509
att 5380	aaa gaa ggg gaa gat 5385	tta aac aca gac acg 5390	gct ctc gta tcg Ala Leu Val Ser	36554

tgg	tta	tct	gta	gtc	ggg	gaa	gct	caa	acc	gca	ggt	tac	tta	tcc	36599
Trp	Leu	Ser	Val	Val	Gly	Glu	Ala	Gln	Thr	Ala	Gly	Tyr	Leu	Ser	
5395					5400					5405					
aga	cga	gag	ttc	gat	gaa	tta	tca	cgt	aca	att	aaa	acc	att	aat	36644
Arg	Arg	Glu	Phe	Asp	Glu	Leu	Ser	Arg	Thr	Ile	Lys	Thr	Ile	Asn	
5410					5415					5420					
aca	cgc	gca	acg	caa	cgg	gct	tcc	gcg	gaa	gca	gag	ttg	tct	tgc	36689
Thr	Arg	Ala	Thr	Gln	Arg	Ala	Ser	Ala	Glu	Ala	Glu	Leu	Ser	Cys	
5425					5430					5435					
ttt	aat	acg	cta	agc	gcg	gcc	gta	gac	caa	gcc	gta	aag	gac	tat	36734
Phe	Asn	Thr	Leu	Ser	Ala	Ala	Val	Asp	Gln	Ala	Val	Lys	Asp	Tyr	
5440					5445					5450					
gaa	aca	tat	aac	aat	ggt	gag	gtc	aag	tat	cct	gaa	ata	aca	cgg	36779
Glu	Thr	Tyr	Asn	Asn	Gly	Glu	Val	Lys	Tyr	Pro	Glu	Ile	Thr	Arg	
5455					5460					5465					
gat	gat	tta	tta	gca	aca	att	gta	cgt	gct	aca	gac	gat	ttg	gtg	36824
Asp	Asp	Leu	Leu	Ala	Thr	Ile	Val	Arg	Ala	Thr	Asp	Asp	Leu	Val	
5470					5475					5480					
cga	cag	ata	aaa	att	tta	agt	gat	cca	atg	atc	caa	tcc	ggt	tta	36869
Arg	Gln	Ile	Lys	Ile	Leu	Ser	Asp	Pro	Met	Ile	Gln	Ser	Gly	Leu	
5485					5490					5495					
caa	cct	tcg	att	aaa	aga	cga	ttg	gaa	aca	agg	ctt	aaa	gag	gtt	36914
Gln	Pro	Ser	Ile	Lys	Arg	Arg	Leu	Glu	Thr	Arg	Leu	Lys	Glu	Val	
5500					5505					5510					
cag	acg	tat	gca	aac	gag	gcc	cga	acc	aca	cag	gac	aca	ata	aag	36959
Gln	Thr	Tyr	Ala	Asn	Glu	Ala	Arg	Thr	Thr	Gln	Asp	Thr	Ile	Lys	
5515					5520					5525					
agt	cga	aaa	cag	gcg	gca	tat	aat	aaa	ctc	ggg	ggg	tta	ctt	cgc	37004
Ser	Arg	Lys	Gln	Ala	Ala	Tyr	Asn	Lys	Leu	Gly	Gly	Leu	Leu	Arg	
5530					5535					5540					
ccg	gta	acc	ggt	ttt	gtg	gga	ctt	agg	gct	gca	gta	gat	tta	tta	37049
Pro	Val	Thr	Gly	Phe	Val	Gly	Leu	Arg	Ala	Ala	Val	Asp	Leu	Leu	
5545					5550					5555					
ccg	gaa	ctt	gct	tct	gag	tta	gat	gtc	caa	gga	gcc	ctg	gta	aat	37094
Pro	Glu	Leu	Ala	Ser	Glu	Leu	Asp	Val	Gln	Gly	Ala	Leu	Val	Asn	
5560					5565					5570					
ctc	agg	acc	aaa	gtc	tta	gag	gcg	ccg	gta	gag	atc	cgt	tct	caa	37139

Leu 5575	Arg	Thr	Lys	Val	Leu 5580	Glu	Ala	Pro	Val	Glu 5585	Ile	Arg	Ser	Gln	
ctt	acg	ggt	gat	ttc	tgg	gcg	tta	ttt	aac	caa	tat	cga	gac	att	37184
Leu 5590	Thr	Gly	Asp	Phe	Trp 5595	Ala	Leu	Phe	Asn	Gln 5600	Tyr	Arg	Asp	Ile	
tta	gaa	cat	ccc	gga	aac	gca	cgc	aca	tct	gtc	tta	gga	gga	ctg	37229
Leu 5605	Glu	His	Pro	Gly	Asn 5610	Ala	Arg	Thr	Ser	Val 5615	Leu	Gly	Gly	Leu	
gga	gct	tgt	ttt	aca	gct	att	atc	gaa	att	gtg	ccg	ata	cct	acg	37274
Gly 5620	Ala	Cys	Phe	Thr	Ala 5625	Ile	Ile	Glu	Ile	Val 5630	Pro	Ile	Pro	Thr	
gag	tat	aga	cca	tca	ttg	ctt	gcg	ttt	ttt	ggt	gac	gtg	gca	gat	37319
Glu 5635	Tyr	Arg	Pro	Ser	Leu 5640	Leu	Ala	Phe	Phe	Gly 5645	Asp	Val	Ala	Asp	
gtg	ctt	gca	tcc	gac	atc	gcg	acc	gta	tct	act	aac	ccg	gaa	agt	37364
Val 5650	Leu	Ala	Ser	Asp	Ile 5655	Ala	Thr	Val	Ser	Thr 5660	Asn	Pro	Glu	Ser	
gag	tcc	gcc	ata	aac	gct	gtt	gtt	gca	act	ctt	agt	aaa	gcg	acg	37409
Glu 5665	Ser	Ala	Ile	Asn	Ala 5670	Val	Val	Ala	Thr	Leu 5675	Ser	Lys	Ala	Thr	
tta	gtt	tca	tct	aca	gtg	cca	gcc	tta	tcc	ttt	gtg	ttg	tcg	tta	37454
Leu 5680	Val	Ser	Ser	Thr	Val 5685	Pro	Ala	Leu	Ser	Phe 5690	Val	Leu	Ser	Leu	
tat	aaa	aaa	tat	cag	gct	tta	caa	caa	gaa	att	acg	aat	acc	cat	37499
Tyr 5695	Lys	Lys	Tyr	Gln	Ala 5700	Leu	Gln	Gln	Glu	Ile 5705	Thr	Asn	Thr	His	
aag	ttg	act	gaa	tta	caa	aaa	caa	ctt	gga	gat	gac	ttc	tcc	acc	37544
Lys 5710	Leu	Thr	Glu	Leu	Gln 5715	Lys	Gln	Leu	Gly	Asp 5720	Asp	Phe	Ser	Thr	
cta	gct	gtc	tca	tct	gga	cac	ttg	aag	ttt	ata	tca	tct	tca	aat	37589
Leu 5725	Ala	Val	Ser	Ser	Gly 5730	His	Leu	Lys	Phe	Ile 5735	Ser	Ser	Ser	Asn	
gta	gat	gat	tat	gaa	ata	aac	gat	gcg	ata	tta	tca	ata	caa	aca	37634
Val 5740	Asp	Asp	Tyr	Glu	Ile 5745	Asn	Asp	Ala	Ile	Leu 5750	Ser	Ile	Gln	Thr	
aat	gtg	cac	gcc	cta	atg	gat	acg	gtt	aaa	ctt	gtt	gaa	gtt	gaa	37679
Asn 5755	Val	His	Ala	Leu	Met 5760	Asp	Thr	Val	Lys	Leu 5765	Val	Glu	Val	Glu	

ctg	caa	aag	cta	ccc	ccc	cat	tgt	att	gct	ggg	aca	tct	acc	tta	37724
Leu	Gln	Lys	Leu	Pro	Pro	His	Cys	Ile	Ala	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	
5770					5775					5780					
tct	cga	gta	gta	aag	gat	ctt	cat	aaa	ctc	gtc	aca	atg	gca	cat	37769
Ser	Arg	Val	Val	Lys	Asp	Leu	His	Lys	Leu	Val	Thr	Met	Ala	His	
5785					5790					5795					
gag	aag	aag	gaa	cag	gca	aaa	gtg	tta	att	acc	gat	tgt	gaa	cgt	37814
Glu	Lys	Lys	Glu	Gln	Ala	Lys	Val	Leu	Ile	Thr	Asp	Cys	Glu	Arg	
5800					5805					5810					
gca	cat	aaa	caa	caa	acg	act	cgg	gtt	ttg	tat	gag	cgt	tgg	aca	37859
Ala	His	Lys	Gln	Gln	Thr	Thr	Arg	Val	Leu	Tyr	Glu	Arg	Trp	Thr	
5815					5820					5825					
cgt	gat	att	ata	gca	tgt	ctg	gag	gca	atg	gaa	acg	cgc	cat	ata	37904
Arg	Asp	Ile	Ile	Ala	Cys	Leu	Glu	Ala	Met	Glu	Thr	Arg	His	Ile	
5830					5835					5840					
ttt	aac	ggg	aca	gaa	ctg	gca	cgg	ttg	cga	gat	atg	gcc	gct	gcg	37949
Phe	Asn	Gly	Thr	Glu	Leu	Ala	Arg	Leu	Arg	Asp	Met	Ala	Ala	Ala	
5845					5850					5855					
gga	ggg	ttt	gat	ata	cac	gca	gtt	tac	cca	caa	gca	cgt	cag	gtt	37994
Gly	Gly	Phe	Asp	Ile	His	Ala	Val	Tyr	Pro	Gln	Ala	Arg	Gln	Val	
5860					5865					5870					
gta	gcg	gca	tgt	gaa	act	aca	gcc	gtt	acg	gca	tta	gat	act	gtg	38039
Val	Ala	Ala	Cys	Glu	Thr	Thr	Ala	Val	Thr	Ala	Leu	Asp	Thr	Val	
5875					5880					5885					
ttt	cgc	cac	aat	cca	tat	acc	ccc	gaa	aat	aca	aat	att	cca	cca	38084
Phe	Arg	His	Asn	Pro	Tyr	Thr	Pro	Glu	Asn	Thr	Asn	Ile	Pro	Pro	
5890					5895					5900					
cct	ttg	gct	ttg	tta	aga	ggg	tta	aca	tgg	ttt	gat	gat	ttt	tcg	38129
Pro	Leu	Ala	Leu	Leu	Arg	Gly	Leu	Thr	Trp	Phe	Asp	Asp	Phe	Ser	
5905					5910					5915					
att	acg	gct	ccc	gta	ttc	acc	gtt	atg	ttt	cca	ggt	gtt	agt	att	38174
Ile	Thr	Ala	Pro	Val	Phe	Thr	Val	Met	Phe	Pro	Gly	Val	Ser	Ile	
5920					5925					5930					
gag	gga	ctc	ctt	ctg	ctt	atg	cgt	att	cgc	gcg	gtt	gtg	tta	tta	38219
Glu	Gly	Leu	Leu	Leu	Leu	Met	Arg	Ile	Arg	Ala	Val	Val	Leu	Leu	
5935					5940					5945					
tcc	gcc	gat	acg	tct	att	aat	gga	ata	cct	aac	tac	cga	gat	atg	38264

Ser	Ala	Asp	Thr	Ser	Ile	Asn	Gly	Ile	Pro	Asn	Tyr	Arg	Asp	Met	
5950					5955					5960					
ata	tta	cga	acc	tcg	ggg	gat	cta	tta	caa	ata	ccc	gca	ttg	gct	38309
Ile	Leu	Arg	Thr	Ser	Gly	Asp	Leu	Leu	Gln	Ile	Pro	Ala	Leu	Ala	
5965					5970					5975					
ggg	tat	gtt	gat	ttt	tac	aca	cgg	tct	tat	gat	cag	ttt	ata	acc	38354
Gly	Tyr	Val	Asp	Phe	Tyr	Thr	Arg	Ser	Tyr	Asp	Gln	Phe	Ile	Thr	
5980					5985					5990					
gaa	agt	gta	acg	tta	agt	gaa	ctt	aga	gca	gac	atc	aga	cag	gct	38399
Glu	Ser	Val	Thr	Leu	Ser	Glu	Leu	Arg	Ala	Asp	Ile	Arg	Gln	Ala	
5995					6000					6005					
gcc	ggg	gct	aaa	ctt	aca	gaa	gca	aat	aag	gct	ttg	gag	gaa	gta	38444
Ala	Gly	Ala	Lys	Leu	Thr	Glu	Ala	Asn	Lys	Ala	Leu	Glu	Glu	Val	
6010					6015					6020					
act	cat	gtt	cgg	gca	cac	gaa	acg	gct	aaa	ctt	gca	ctt	aaa	gaa	38489
Thr	His	Val	Arg	Ala	His	Glu	Thr	Ala	Lys	Leu	Ala	Leu	Lys	Glu	
6025					6030					6035					
ggt	gtc	ttc	att	aca	tta	cca	agc	gaa	ggt	tta	ttg	att	cgg	gct	38534
Gly	Val	Phe	Ile	Thr	Leu	Pro	Ser	Glu	Gly	Leu	Leu	Ile	Arg	Ala	
6040					6045					6050					
ata	gag	tat	ttt	aca	act	ttc	gat	cat	aaa	cga	ttt	ata	gga	acg	38579
Ile	Glu	Tyr	Phe	Thr	Thr	Phe	Asp	His	Lys	Arg	Phe	Ile	Gly	Thr	
6055					6060					6065					
gca	tat	gaa	aga	gtt	tta	caa	aca	atg	gta	gac	cgc	gat	cta	aag	38624
Ala	Tyr	Glu	Arg	Val	Leu	Gln	Thr	Met	Val	Asp	Arg	Asp	Leu	Lys	
6070					6075					6080					
gag	gcc	aac	gca	gag	ctt	gca	cag	ttt	cgt	atg	gtg	tgt	cag	gca	38669
Glu	Ala	Asn	Ala	Glu	Leu	Ala	Gln	Phe	Arg	Met	Val	Cys	Gln	Ala	
6085					6090					6095					
aca	aag	aac	cgt	gca	ata	caa	att	tta	caa	aac	att	gtt	gat	acg	38714
Thr	Lys	Asn	Arg	Ala	Ile	Gln	Ile	Leu	Gln	Asn	Ile	Val	Asp	Thr	
6100					6105					6110					
gcc	aat	gcc	act	gag	caa	caa	gaa	gac	gtg	gat	ttc	act	aac	ctg	38759
Ala	Asn	Ala	Thr	Glu	Gln	Gln	Glu	Asp	Val	Asp	Phe	Thr	Asn	Leu	
6115					6120					6125					
aag	acg	tta	tta	aaa	cta	acc	ccc	cct	ccc	aaa	aca	att	gca	ttg	38804
Lys	Thr	Leu	Leu	Lys	Leu	Thr	Pro	Pro	Pro	Lys	Thr	Ile	Ala	Leu	
6130					6135					6140					

gcc Ala 6145	att Ile	gat Asp	aga Arg	tct Ser	act Thr	tcc Ser	gtt Val	cag Gln	gac Asp	att Ile	gtc Val	acg Thr	cag Gln	ttt Phe	38849
					6150					6155					
gca Ala 6160	ttg Leu	ctg Leu	tta Leu	ggg Gly	cgt Arg	ctg Leu	gaa Glu	gaa Glu	gaa Glu	act Thr	ggt Gly	acg Thr	ttg Leu	gac Asp	38894
					6165					6170					
att Ile 6175	cag Gln	gcg Ala	gtt Val	gac Asp	tgg Trp	atg Met	tac Tyr	caa Gln	gct Ala	cgc Arg	aat Asn	att Ile	att Ile	gac Asp	38939
					6180					6185					
tcc Ser 6190	cat His	cca Pro	cta Leu	agt Ser	gtg Val	cgt Arg	ata Ile	gac Asp	ggt Gly	acc Thr	ggc Gly	ccc Pro	ctg Leu	cat His	38984
					6195					6200					
act Thr 6205	tat Tyr	aaa Lys	gat Asp	agg Arg	gtg Val	gat Asp	aaa Lys	ctt Leu	tat Tyr	gcg Ala	tta Leu	cga Arg	act Thr	aaa Lys	39029
					6210					6215					
tta Leu 6220	gat Asp	ctc Leu	cta Leu	cga Arg	cga Arg	cga Arg	ata Ile	gaa Glu	acc Thr	ggt Gly	gag Glu	gtt Val	acg Thr	tgg Trp	39074
					6225					6230					
gac Asp 6235	gat Asp	gca Ala	tgg Trp	aca Thr	aca Thr	ttt Phe	aaa Lys	aga Arg	gaa Glu	acg Thr	ggg Gly	gat Asp	atg Met	ttg Leu	39119
					6240					6245					
gca Ala 6250	tcg Ser	ggg Gly	gac Asp	acg Thr	tac Tyr	gct Ala	act Thr	tcc Ser	gta Val	gat Asp	agt Ser	ata Ile	aag Lys	gca Ala	39164
					6255					6260					
ctc Leu 6265	cag Gln	gca Ala	tcg Ser	gcg Ala	tct Ser	gtg Val	gtt Val	gac Asp	atg Met	ctt Leu	tgt Cys	tcc Ser	gaa Glu	ccc Pro	39209
					6270					6275					
gaa Glu 6280	ttt Phe	ttt Phe	tta Leu	ttg Leu	cct Pro	gtg Val	gaa Glu	acg Thr	aaa Lys	aac Asn	cgt Arg	ctc Leu	caa Gln	aaa Lys	39254
					6285					6290					
aag Lys 6295	caa Gln	cag Gln	gaa Glu	cgt Arg	aaa Lys	acg Thr	gcg Ala	ttg Leu	gat Asp	gtt Val	gtg Val	ttg Leu	caa Gln	aaa Lys	39299
					6300					6305					
caa Gln 6310	aga Arg	cag Gln	ttt Phe	gaa Glu	gag Glu	acc Thr	gcg Ala	tct Ser	cgc Arg	tta Leu	cga Arg	gct Ala	tta Leu	att Ile	39344
					6315					6320					
gaa 6330	cgt 6335	att 6340	cca 6345	acg 6350	gag 6355	agt 6360	gac 6365	cat 6370	gac 6375	gtt 6380	ctt 6385	cgt 6390	atg 6395	tta 6400	39389

Glu 6325	Arg	Ile	Pro	Thr	Glu 6330	Ser	Asp	His	Asp	Val 6335	Leu	Arg	Met	Leu	
tta	cgt	gat	ttc	gat	caa	ttt	aca	cat	ttg	cct	ata	tgg	ata	aaa	39434
Leu 6340	Arg	Asp	Phe	Asp	Gln 6345	Phe	Thr	His	Leu	Pro 6350	Ile	Trp	Ile	Lys	
aca	cag	tat	atg	aca	ttt	cga	aat	tta	ctc	atg	gta	cgg	tta	ggc	39479
Thr 6355	Gln	Tyr	Met	Thr	Phe 6360	Arg	Asn	Leu	Leu	Met 6365	Val	Arg	Leu	Gly	
ttg	tat	gca	agt	tat	gct	gag	att	ttt	cca	ccc	gcg	tct	cca	aac	39524
Leu 6370	Tyr	Ala	Ser	Tyr	Ala 6375	Glu	Ile	Phe	Pro	Pro 6380	Ala	Ser	Pro	Asn	
gga	gta	ttt	gct	cct	att	ccc	gcc	atg	tcg	ggt	gta	tgt	cta	gaa	39569
Gly 6385	Val	Phe	Ala	Pro	Ile 6390	Pro	Ala	Met	Ser	Gly 6395	Val	Cys	Leu	Glu	
gac	caa	tcc	cga	tgc	att	cgc	gcg	cgg	gtg	gcc	gcg	ttt	atg	ggg	39614
Asp 6400	Gln	Ser	Arg	Cys	Ile 6405	Arg	Ala	Arg	Val	Ala 6410	Ala	Phe	Met	Gly	
gag	gcg	tct	gtg	gtg	caa	acg	ttt	agg	gaa	gcc	aga	tct	tct	ata	39659
Glu 6415	Ala	Ser	Val	Val	Gln 6420	Thr	Phe	Arg	Glu	Ala 6425	Arg	Ser	Ser	Ile	
gac	gct	ttg	ttt	gga	aaa	aat	tta	acc	ttt	tac	ttg	gat	act	gat	39704
Asp 6430	Ala	Leu	Phe	Gly	Lys 6435	Asn	Leu	Thr	Phe	Tyr 6440	Leu	Asp	Thr	Asp	
ggg	gtt	cca	ctt	cga	tat	aga	gtg	tgt	tat	aaa	tca	gtt	ggg	gtt	39749
Gly 6445	Val	Pro	Leu	Arg	Tyr 6450	Arg	Val	Cys	Tyr	Lys 6455	Ser	Val	Gly	Val	
aaa	ctt	gga	acc	atg	cta	tgc	agt	cag	ggt	gga	tta	tct	tta	cga	39794
Lys 6460	Leu	Gly	Thr	Met	Leu 6465	Cys	Ser	Gln	Gly	Gly 6470	Leu	Ser	Leu	Arg	
ccg	gca	ctt	ccc	gat	gaa	ggt	att	gtg	gaa	gaa	act	aca	cta	tcg	39839
Pro 6475	Ala	Leu	Pro	Asp	Glu 6480	Gly	Ile	Val	Glu	Glu 6485	Thr	Thr	Leu	Ser	
gca	tta	cgc	gtg	gcc	aat	gag	gtc	aat	gag	cta	cgc	att	gaa	tac	39884
Ala 6490	Leu	Arg	Val	Ala	Asn 6495	Glu	Val	Asn	Glu	Leu 6500	Arg	Ile	Glu	Tyr	
gaa	tcc	gct	ata	aaa	tcc	ggg	ttt	tct	gcc	ttt	tcc	acc	ttt	gtt	39929
Glu 6505	Ser	Ala	Ile	Lys	Ser 6510	Gly	Phe	Ser	Ala	Phe 6515	Ser	Thr	Phe	Val	

agg cat cgc cac gcc gaa tgg ggt aaa acc aac gca cgc aga gcc Arg His Arg His Ala Glu Trp Gly Lys Thr Asn Ala Arg Arg Ala 6520 6525 6530	39974
att gca gag ata tac gcc ggc ctt ata aca aca aca ttg aca cga Ile Ala Glu Ile Tyr Ala Gly Leu Ile Thr Thr Thr Leu Thr Arg 6535 6540 6545	40019
caa tac ggg gtt cat tgg gac aag ctt att tat tct ttt gaa aaa Gln Tyr Gly Val His Trp Asp Lys Leu Ile Tyr Ser Phe Glu Lys 6550 6555 6560	40064
cac cac cta act tct gta atg ggc aat gga cta act aaa cca atc His His Leu Thr Ser Val Met Gly Asn Gly Leu Thr Lys Pro Ile 6565 6570 6575	40109
cag aga agg ggt gat gta cgc gta tta gag tta acc cta tct gat Gln Arg Arg Gly Asp Val Arg Val Leu Glu Leu Thr Leu Ser Asp 6580 6585 6590	40154
att gta act att ttg gtt gcc aca acc ccg gta cat ctt ctc aat Ile Val Thr Ile Leu Val Ala Thr Thr Pro Val His Leu Leu Asn 6595 6600 6605	40199
ttt gct aga ttg gat tta att aaa cag cat gag tat atg gcc cgt Phe Ala Arg Leu Asp Leu Ile Lys Gln His Glu Tyr Met Ala Arg 6610 6615 6620	40244
acc ctc aga ccc gta atc gag gcc gca ttt aga ggt cgt tta ctc Thr Leu Arg Pro Val Ile Glu Ala Ala Phe Arg Gly Arg Leu Leu 6625 6630 6635	40289
gtt cgc tca ttg gat gga gac ccg aaa ggc aat gcc cgg gcc ttt Val Arg Ser Leu Asp Gly Asp Pro Lys Gly Asn Ala Arg Ala Phe 6640 6645 6650	40334
ttt aat gcc gcc cca tcc aaa cat aaa ctc ccg tta gct ctt gga Phe Asn Ala Ala Pro Ser Lys His Lys Leu Pro Leu Ala Leu Gly 6655 6660 6665	40379
tca aac caa gat cct acc ggc ggg aga ata ttt gca ttt cgg atg Ser Asn Gln Asp Pro Thr Gly Gly Arg Ile Phe Ala Phe Arg Met 6670 6675 6680	40424
gca gat tgg aaa ctt gtt aaa atg cca cag aaa ata acg gat cct Ala Asp Trp Lys Leu Val Lys Met Pro Gln Lys Ile Thr Asp Pro 6685 6690 6695	40469
ttt gcg cca tgg caa ctt tcc ccc ccc ccc ggg gta aag gcc aat	40514

Phe 6700	Ala	Pro	Trp	Gln	Leu 6705	Ser	Pro	Pro	Pro	Gly 6710	Val	Lys	Ala	Asn	
gtc 6715	gat Val	gca Asp	gtt Ala	acc Val	cgt Thr	ata Arg	atg Ile	gca Met	aca Ala	gat Thr	cgt Asp	ctt Arg	gcg Leu	acc Ala	40559
att 6730	act Ile	gta Thr	ctt Val	ggg Leu	cgc Gly	atg Arg	tgt Met	ctc Cys	ccg Leu	cca Pro	att Pro	tcc Ile	tta Ser	gtg Leu	40604
tca 6745	atg Ser	tgg Met	aat Trp	acg Asn	ctg Thr	caa Leu	ccg Gln	gag Pro	gaa Glu	ttc Glu	gca Phe	tac Ala	aga Tyr	aca Arg	40649
caa 6760	gat Gln	gat Asp	gtg Asp	gac Val	att Asp	ata Ile	gtt Val	gat Asp	gcg Ala	aga Arg	ctg Leu	gat Asp	ttg Leu	tca Ser	40694
tcc 6775	acg Ser	ctt Thr	aat Leu	gca Asn	aga Ala	ttt Arg	gat Phe	acc Asp	gct Thr	ccc Ala	agc Pro	aat Ser	acc Asn	acg Thr	40739
tta 6790	gag Leu	tgg Glu	aat Trp	aca Asn	gac Thr	cgt Asp	aaa Arg	gta Lys	att Val	aca Ile	gat Thr	gct Asp	tat Ala	att Tyr	40784
caa 6805	acc Gln	ggg Thr	gca Gly	acg Ala	aca Thr	gtt Thr	ttt Val	aca Phe	gta Thr	acg Val	ggg Thr	gcg Gly	gca Ala	cca Pro	40829
act 6820	cac Thr	gtt His	tct Val	aat Ser	gta Asn	aca Val	gcg Thr	ttt Ala	gac Phe	ata Asp	gca Ile	act Ala	acg Thr	gct Ala	40874
att 6835	tta Ile	ttt Leu	ggg Phe	gct Gly	cct Ala	ttg Pro	gtt Leu	att Val	gcc Ile	atg Met	gaa Glu	ctt Leu	aca Thr	tcc Ser	40919
gtt 6850	ttt Val	tca Phe	caa Ser	aat Gln	tcc Asn	gga Ser	ctt Gly	act Leu	ttg Thr	ggg Leu	tta Gly	aaa Leu	tta Lys	ttc Phe	40964
gat 6865	tcc Asp	cgg Ser	cat Arg	atg His	gct Met	aca Ala	gat Thr	tcg Asp	ggt Ser	ata Gly	tcc Ile	tca Ser	gcc Ala	gta Val	41009
tct 6880	ccc Ser	gat Pro	att Asp	gtt Ile	tct Val	tgg Ser	ggg Trp	tta Gly	cgt Leu	tta Arg	ctg Leu	cat His	atg Met	gat Asp	41054

cct Pro 6895	cac His Pro	cca Pro Ile	att Ile Glu	gaa Glu Asn	aat Asn 6900	gca Ala Cys	tgt Leu Ile	tta Ile Val	att Ile Val	gtc Val 6905	caa Gln Leu	cta Leu Glu	gaa Glu Lys	aaa Lys	41099
ctg Leu 6910	tcc Ser Ala	gcg Ala Leu	ctc Leu Ile	att Ile Ala	gca Ala 6915	aac Asn Lys	aaa Lys Pro	cct Pro Leu	ctt Leu Thr	aca Thr 6920	aac Asn Asn	aat Asn Pro	ccc Pro Pro	ccg Pro	41144
tgt Cys 6925	tta Leu Leu	ctg Leu Leu	cta Leu Leu	ttg Leu Asp	gac Asp 6930	gaa Glu His	cat His Met	atg Met Asn	aat Asn Pro	ccc Pro 6935	tct Ser Tyr	tat Tyr Val	gtt Val Leu	tta Leu	41189
tgg Trp 6940	gaa Glu Arg	cga Arg Lys	aaa Lys Asp	gac Asp Ser	tcg Ser 6945	att Ile Pro	cca Pro Ala	gct Ala Pro	ccg Pro Asp	gat Asp 6950	tat Tyr Val	gtg Val Val	gtc Val Phe	ttt Phe	41234
tgg Trp 6955	ggg Gly Pro	cca Pro Glu	gaa Glu Ser	tct Ser Leu	ctt Leu 6960	att Ile Asp	gat Asp Leu	ttg Leu Pro	ccg Pro Tyr	tac Tyr 6965	atc Ile Asp	gac Asp Ser	tcc Ser Asp	gat Asp	41279
gag Glu 6970	gac Asp Ser	tct Ser Phe	ttc Phe Pro	ccc Pro Ser	tcg Ser 6975	tgt Cys Pro	ccc Pro Asp	gat Asp Asp	gat Asp Pro	cca Pro 6980	ttt Phe Tyr	tac Tyr Ser	tcg Ser Gln	caa Gln	41324
att Ile 6985	att Ile Ala	gcc Ala Gly	ggt Gly Tyr	tat Tyr Ala	gcg Ala 6990	ccc Pro Gln	caa Gln Gly	ggc Gly Pro	ccc Pro Pro	cca Pro 6995	aac Asn Leu	ctc Leu Asp	gac Asp Thr	aca Thr	41369
act Thr 7000	gat Asp Phe	ttt Phe Tyr	tac Tyr Pro	cca Pro Thr	acg Thr 7005	gag Glu Pro	cca Pro Leu	cta Leu Phe	ttt Phe Lys	aag Lys 7010	tct Ser Pro	ccc Pro Val	gtt Val Gln	caa Gln	41414
gtt Val 7015	gtt Val Arg	aga Arg Ser	agt Ser Ser	tcc Ser Lys	aaa Lys 7020	tgt Cys Lys	aaa Lys Lys	aaa Lys Met	atg Met Pro	ccc Pro 7025	gtc Val Arg	cgg Arg Pro	ccc Pro Ala	gcg Ala	41459
cag Gln 7030	ccc Pro Ala	gcg Ala Gln	cag Gln Pro	ccc Pro Ala	gcg Ala 7035	cag Gln Pro	ccc Pro Ala	gcg Ala Gln	cag Gln Pro	ccc Pro 7040	gcg Ala Gln	cag Gln Thr	acc Thr Val	gtc Val	41504
cag Gln 7045	ccc Pro Ala	gcg Ala Gln	cag Gln Pro	ccc Pro Ile	ata Ile 7050	gaa Glu Pro	ccg Pro Gly	ggc Gly Thr	aca Thr Gln	caa Gln 7055	ata Ile Val	gtg Val Val	gta Val Gln	caa Gln	41549
aat Asn 7060	ttt Phe Lys	aag Lys Lys	aaa Lys Pro	ccc Pro Gln	caa Gln 7065	agc Ser Val	gta Val Lys	aaa Lys Thr	aca Thr Thr	acc Thr 7070	ctt Leu Ser	agc Ser Gln	caa Gln Lys	aaa Lys	41594
gat 6995	att 6995	ccc 6995	ttg 6995	tat 6995	gtg 6995	gaa 6995	acc 6995	gaa 6995	tca 6995	gaa 6995	acg 6995	gct 6995	gtg 6995	ctt 6995	41639

Asp 7075	Ile	Pro	Leu	Tyr	Val 7080	Glu	Thr	Glu	Ser	Glu 7085	Thr	Ala	Val	Leu	
ata	cct	aag	caa	tta	acc	acc	tcc	att	aaa	aca	acc	gtt	tgt	aaa	41684
Ile 7090	Pro	Lys	Gln	Leu	Thr 7095	Thr	Ser	Ile	Lys	Thr 7100	Thr	Val	Cys	Lys	
agt 7105	att	acc	cca	cca	aat 7110	aac	caa	ttg	tcg	gat 7115	tgg	aaa	aat	aat	41729
Ser	Ile	Thr	Pro	Pro	Asn	Asn	Gln	Leu	Ser	Asp	Trp	Lys	Asn	Asn	
cca 7120	cag	caa	aac	caa	acg 7125	tta	aac	caa	gcg	ttc 7130	agt	aaa	cca	ata	41774
Pro	Gln	Gln	Asn	Gln	Thr	Leu	Asn	Gln	Ala	Phe	Ser	Lys	Pro	Ile	
ctt 7135	gag	att	acc	tcc	att 7140	ccg	aca	gat	gac	tcg 7145	ata	tct	tac	cgg	41819
Leu	Glu	Ile	Thr	Ser	Ile	Pro	Thr	Asp	Asp	Ser	Ile	Ser	Tyr	Arg	
act 7150	tgg	att	gaa	aaa	tca 7155	aat	caa	aca	caa	aaa 7160	cgg	cat	caa	aat	41864
Thr	Trp	Ile	Glu	Lys	Ser	Asn	Gln	Thr	Gln	Lys	Arg	His	Gln	Asn	
gac 7165	cct	cga	atg	tat	aac 7170	tcc	aaa	aca	gta	ttc 7175	cac	cct	gta	aat	41909
Asp	Pro	Arg	Met	Tyr	Asn	Ser	Lys	Thr	Val	Phe	His	Pro	Val	Asn	
aac 7180	caa	tta	cct	tct	tgg 7185	gtt	gac	acg	gca	gcc 7190	gat	gcc	ccc	caa	41954
Asn	Gln	Leu	Pro	Ser	Trp	Val	Asp	Thr	Ala	Ala	Asp	Ala	Pro	Gln	
acg 7195	gac	cta	ttg	aca	aac 7200	tat	aaa	aca	aga	cag 7205	ccg	tcg	cca	aac	41999
Thr	Asp	Leu	Leu	Thr	Asn	Tyr	Lys	Thr	Arg	Gln	Pro	Ser	Pro	Asn	
ttt 7210	ccg	cgg	gac	gta	cac 7215	aca	tgg	ggc	gta	tct 7220	tct	aac	ccg	ttt	42044
Phe	Pro	Arg	Asp	Val	His	Thr	Trp	Gly	Val	Ser	Ser	Asn	Pro	Phe	
aac 7225	tca	ccg	aac	aga	gac 7230	cta	tat	caa	agt	gat 7235	ttt	agt	gaa	cct	42089
Asn	Ser	Pro	Asn	Arg	Asp	Leu	Tyr	Gln	Ser	Asp	Phe	Ser	Glu	Pro	
tct 7240	gac	ggc	tat	agc	agt 7245	gag	agt	gaa	aat	tct 7250	atc	gta	cta	agt	42134
Ser	Asp	Gly	Tyr	Ser	Ser	Glu	Ser	Glu	Asn	Ser	Ile	Val	Leu	Ser	
ctc 7255	gac	gaa	cat	cgg	tca 7260	tgt	cgc	gtt	cct	agg 7265	cac	gta	cgc	gtt	42179
Leu	Asp	Glu	His	Arg	Ser	Cys	Arg	Val	Pro	Arg	His	Val	Arg	Val	

gtt aat gcc gat gta gtc acc ggt cga cgt tat gtc cga ggg acc 42224
 Val Asn Ala Asp Val Val Thr Gly Arg Arg Tyr Val Arg Gly Thr
 7270 7275 7280

gcc ttg gga gca ctg gca ctg tta agc cag gca tgt cgg cgt atg 42269
 Ala Leu Gly Ala Leu Ala Leu Leu Ser Gln Ala Cys Arg Arg Met
 7285 7290 7295

atc gac aac gtt aga tat aca cgt aaa ctt tta atg gac cac acg 42314
 Ile Asp Asn Val Arg Tyr Thr Arg Lys Leu Leu Met Asp His Thr
 7300 7305 7310

gaa gat ata ttt caa ggc ctg ggg tat gtt aaa ttg tta tta gat 42359
 Glu Asp Ile Phe Gln Gly Leu Gly Tyr Val Lys Leu Leu Leu Asp
 7315 7320 7325

gga aca tat ata taa agtagcgct attaaagaaa aaaaaaaaaac aacgattatt 42414
 Gly Thr Tyr Ile
 7330

ttctgtgtat ttttatttac accctacgac ttcttgaagc gtttcagat tgtcccgtgt 42474

gtgacaaggt ctgtccctta cccccctggg gggatatittg ggttgggggc ggggtagact 42534

gtggcacgcc ttgggccgcg ggcggtgac cggttggttg ctggacagt cttgactgtg 42594

ctccctgttg cggttggttg ccagaagacc ccgacaccac gtgttgctgt tgtccaacgg 42654

atgccgacgt cgtttgaggt ggggggtgtt gcggggatga tcccgaac gccaacgcgg 42714

cgggctgttg taaagcagac tgatcggcgc tctgtgtttt ttgcggcaat atagtaggcc 42774

ccgagattcc caaactcatg gatggatttg ggggttggtg tcgtataata cgcgggttaa 42834

acgtacgttt taagccaacc gttggtctta accatgtcat agggtcagtc tcggcaaaca 42894

tggccgttcg gcgtatcgta tttgcattat ggttagcgcg tgcacgcgc gcactggccg 42954

cggctccac ggtgtaaatg cttctggcat cagcgatgtc cacacggtga ccaggttgca 43014

aaggtccact ggcgtttaaa agtcgtatta aagcaacggg ggtgtaagcc gcaattgctt 43074

ccaccgaaaa tgtggtgggg ttgctgggat caaagactac acgagacgat gcgggttggtg 43134

tcacgttta ttagtttacg ggacaatcga taacagcata cacgtacatc tgcgcaggat 43194

atgtacggaa aggcaattta tttccagaaa agcaccgccc ctaatacaac taccagtaca 43254

attacaatga acagggcata tgtcacgtta gctacgggta gagcaagttt ccagacacgc 43314

gtagtttggg tatcgggtaa cgcaggttta atgtcacttt gcatttgaac agacgtgttt 43374
 ggacttccgt tctcgggtgg ggatctgaat gaaggccgcc agcgtatata ttcattccaaa 43434
 ttattgccag tttccttata catgtatgca tccgtggcgc gggccataag tttaatgggtg 43494
 cgagatggat cticcgtcc cataaaacga aaggataact gaacatatgg cattcgcaca 43554
 aagcagttca cccacattaa agcctggaga ggtcggcggg caataccccc acctcgttta 43614
 attgattcca aagcagatag gttgataccg gtacttaacg ttgaactaag aatcacgtta 43674
 ttactgtcaa tggacacttc agccactggg gcgttagtcg gacgaaaaaa aaaaccttga 43734
 aatagcacag acacccccgt attttgaatt tttatgtaag ggtcacaatc tacttgcgcc 43794
 caattcgcca ttaaacgcat aatatactct accggaaagg cttcggatac gttgtcttcg 43854
 ccgttaaact gaaaaacaca acgggcgggg gggcgttgtg gatcaaatat tggaagatcc 43914
 ccatcgcaac attgaagagc gcttgggtacc accaaccgaa tacgttgtaa aagattatct 43974
 ccgcaacccc tcctgcgttc actccgtaca tacgttctcc gtgacatatt gatctaaggt 44034
 tgcaaaccaa ggcacacgcg tgaagtatct agaccattta tcgtgggata taggaggagt 44094
 ttggagtgat ccaccccctg acgacttatt aatgcgttta ttttcccat gtattaagca 44154
 tccttcaata tttcatgcaa atctagaaat ttggccatga ctcccgcaaa gcgttcacgg 44214
 cgacgggtca cgctggcact atgttcacat ggaacaacat aagcagattt ttctgaatcg 44274
 ttactttctt tatgttttaa aacggacgcc aggcgactgg taaatgatat ataatttaat 44334
 tgagcgtcag ttgtaggtag aattgcttct atttccgggg gaattaaatt ttcaaaccaa 44394
 acggaaagag taaaggtgct atcagcagga aaatactttg actccagtgc atcgatattt 44454
 aatagattaa catcgggtgc tgtaattaaa tcgcggggccc tcatcccaga g atg gat 44511
 Met Asp
 7335
 cgg gta gaa tca gaa gaa ccc atg gat gga ttc gaa tcg ccc gta 44556
 Arg Val Glu Ser Glu Glu Pro Met Asp Gly Phe Glu Ser Pro Val
 7340 7345 7350
 ttc tcc gaa aat aca tct tct aat tcc gga tgg tgt tcc gac gca 44601
 Phe Ser Glu Asn Thr Ser Ser Asn Ser Gly Trp Cys Ser Asp Ala
 7355 7360 7365

ttt tcc gat tcg tac	atc gct tat aat cca	gcc ctt ctg cta aaa	44646
Phe Ser Asp Ser Tyr	Ile Ala Tyr Asn Pro	Ala Leu Leu Leu Lys	
7370	7375	7380	
aac gat ttg tta ttt	tca gaa ttg tta ttt	gcc tcc cac tta ata	44691
Asn Asp Leu Leu Phe	Ser Glu Leu Leu Phe	Ala Ser His Leu Ile	
7385	7390	7395	
aat gtt ccc cgt gca	ata gaa aac aac gtc	act tat gag gcc tct	44736
Asn Val Pro Arg Ala	Ile Glu Asn Asn Val	Thr Tyr Glu Ala Ser	
7400	7405	7410	
tcg gcg gta ggt gtg	gat aat gaa atg acc	tca agt acc act gaa	44781
Ser Ala Val Gly Val	Asp Asn Glu Met Thr	Ser Ser Thr Thr Glu	
7415	7420	7425	
ttt ata gaa gaa att	gga gac gtt ttg gcg	tta gac aga gcc tgt	44826
Phe Ile Glu Glu Ile	Gly Asp Val Leu Ala	Leu Asp Arg Ala Cys	
7430	7435	7440	
ttg gtc tgc aga acg	ctt gat ttg tat aaa	cgt aaa ttt gga ctg	44871
Leu Val Cys Arg Thr	Leu Asp Leu Tyr Lys	Arg Lys Phe Gly Leu	
7445	7450	7455	
aca ccg gaa tgg gtt	gcg gac tac gcc atg	tta tgt atg aaa agt	44916
Thr Pro Glu Trp Val	Ala Asp Tyr Ala Met	Leu Cys Met Lys Ser	
7460	7465	7470	
ctg gca tcc ccg ccc	tgt gca gtt gtc act	ttt agc gct gcc ttt	44961
Leu Ala Ser Pro Pro	Cys Ala Val Val Thr	Phe Ser Ala Ala Phe	
7475	7480	7485	
gaa ttt gtg tat ctt	atg gat cgt tac tac	ctg tgc cgt tat aac	45006
Glu Phe Val Tyr Leu	Met Asp Arg Tyr Tyr	Leu Cys Arg Tyr Asn	
7490	7495	7500	
gtt act ttg gtt ggg	tcc ttt gcc agg cgc	acg ctt tcc ctg tta	45051
Val Thr Leu Val Gly	Ser Phe Ala Arg Arg	Thr Leu Ser Leu Leu	
7505	7510	7515	
gat ata caa aga cat	ttt ttt ttg cat gta	tgt ttt cgt acc gat	45096
Asp Ile Gln Arg His	Phe Phe Leu His Val	Cys Phe Arg Thr Asp	
7520	7525	7530	
gga ggg tta cca ggt	ata cga ccg ccc ccc	ggt aag gaa atg gcc	45141
Gly Gly Leu Pro Gly	Ile Arg Pro Pro Pro	Gly Lys Glu Met Ala	
7535	7540	7545	
aac aaa gta aga tat	tcc aat tac tcc ttt	ttt gta cag gcg gta	45186

Asn	Lys	Val	Arg	Tyr	Ser	Asn	Tyr	Ser	Phe	Phe	Val	Gln	Ala	Val	
				7550					7555					7560	
gtt	agg	gct	gca	tta	cta	tcg	atc	agc	acg	tct	cgt	tta	gac	gaa	45231
Val	Arg	Ala	Ala	Leu	Leu	Ser	Ile	Ser	Thr	Ser	Arg	Leu	Asp	Glu	
				7565					7570					7575	
acc	gaa	acg	cgt	aag	tca	ttt	tac	ttt	aat	cag	gac	gga	ctg	act	45276
Thr	Glu	Thr	Arg	Lys	Ser	Phe	Tyr	Phe	Asn	Gln	Asp	Gly	Leu	Thr	
				7580					7585					7590	
gga	ggc	cct	caa	cct	tta	gcg	gcc	gcc	ttg	gct	aat	tgg	aaa	gat	45321
Gly	Gly	Pro	Gln	Pro	Leu	Ala	Ala	Ala	Leu	Ala	Asn	Trp	Lys	Asp	
				7595					7600					7605	
tgc	gcg	cgg	atg	gtt	gac	tgt	tca	tca	tcg	gaa	cat	cgc	aca	agt	45366
Cys	Ala	Arg	Met	Val	Asp	Cys	Ser	Ser	Ser	Glu	His	Arg	Thr	Ser	
				7610					7615					7620	
ggg	atg	att	acc	tgc	gcg	gaa	cgt	gca	tta	aaa	gag	gat	ata	gag	45411
Gly	Met	Ile	Thr	Cys	Ala	Glu	Arg	Ala	Leu	Lys	Glu	Asp	Ile	Glu	
				7625					7630					7635	
ttt	gaa	gat	ata	tta	ata	gac	aaa	ctt	aaa	aaa	tcg	tct	tac	gta	45456
Phe	Glu	Asp	Ile	Leu	Ile	Asp	Lys	Leu	Lys	Lys	Ser	Ser	Tyr	Val	
				7640					7645					7650	
gaa	gca	gct	tgg	ggt	tac	gca	gac	ttg	gct	tta	tta	tta	ctg	agt	45501
Glu	Ala	Ala	Trp	Gly	Tyr	Ala	Asp	Leu	Ala	Leu	Leu	Leu	Leu	Ser	
				7655					7660					7665	
ggg	gtt	gct	act	tgg	aat	gta	gac	gag	cgt	aca	aat	tgt	gct	ata	45546
Gly	Val	Ala	Thr	Trp	Asn	Val	Asp	Glu	Arg	Thr	Asn	Cys	Ala	Ile	
				7670					7675					7680	
gaa	act	cgc	gtt	gga	tgt	gtt	aaa	tca	tac	tgg	cag	gcg	aac	cgg	45591
Glu	Thr	Arg	Val	Gly	Cys	Val	Lys	Ser	Tyr	Trp	Gln	Ala	Asn	Arg	
				7685					7690					7695	
att	gaa	aac	tcc	agg	gac	gtt	cca	aaa	caa	ttt	tcc	aaa	ttt	acg	45636
Ile	Glu	Asn	Ser	Arg	Asp	Val	Pro	Lys	Gln	Phe	Ser	Lys	Phe	Thr	
				7700					7705					7710	
agc	gag	gat	gcc	tgt	ccc	gaa	gta	gca	ttt	ggg	cct	att	ttg	tta	45681
Ser	Glu	Asp	Ala	Cys	Pro	Glu	Val	Ala	Phe	Gly	Pro	Ile	Leu	Leu	
				7715					7720					7725	
act	acc	tta	aaa	aac	gca	aag	tgc	cgt	ggt	cgc	acg	aat	acc	gaa	45726
Thr	Thr	Leu	Lys	Asn	Ala	Lys	Cys	Arg	Gly	Arg	Thr	Asn	Thr	Glu	
				7730					7735					7740	

tgc atg tta tgt tgt tta tta acc ata ggg cac tat tgg atc gct 45771
 Cys Met Leu Cys Cys Leu Leu Thr Ile Gly His Tyr Trp Ile Ala
 7745 7750 7755

ttg cgg cag ttt aaa agg gat ata tta gca tac tca gca aat aac 45816
 Leu Arg Gln Phe Lys Arg Asp Ile Leu Ala Tyr Ser Ala Asn Asn
 7760 7765 7770

aca agt tta ttt gac tgt atc gaa cct gta atc aat gca tgg agc 45861
 Thr Ser Leu Phe Asp Cys Ile Glu Pro Val Ile Asn Ala Trp Ser
 7775 7780 7785

cta gat aac ccc att aaa ctt aaa ttt cca ttt aat gat gag ggt 45906
 Leu Asp Asn Pro Ile Lys Leu Lys Phe Pro Phe Asn Asp Glu Gly
 7790 7795 7800

cga ttc ata acc att gta aaa gca gca ggt tcc gag gcc gta tat 45951
 Arg Phe Ile Thr Ile Val Lys Ala Ala Gly Ser Glu Ala Val Tyr
 7805 7810 7815

aaa cat tta ttt tgc gat ctc cta tgc gct ctc tcg gaa tta cag 45996
 Lys His Leu Phe Cys Asp Leu Leu Cys Ala Leu Ser Glu Leu Gln
 7820 7825 7830

aca aac cct aaa att tta ttt gcc cat cct aca acc gcg gat aag 46041
 Thr Asn Pro Lys Ile Leu Phe Ala His Pro Thr Thr Ala Asp Lys
 7835 7840 7845

gaa gtg ttg gag tta tat aaa gcc caa ctg gct gca caa aac aga 46086
 Glu Val Leu Glu Leu Tyr Lys Ala Gln Leu Ala Ala Gln Asn Arg
 7850 7855 7860

ttt gaa ggt cgt gta tgt gct ggc ctg tgg aca ttg gcg tat gca 46131
 Phe Glu Gly Arg Val Cys Ala Gly Leu Trp Thr Leu Ala Tyr Ala
 7865 7870 7875

ttt aaa gcc tac cag att ttt cca cgc aaa cca acc gcc aat gcc 46176
 Phe Lys Ala Tyr Gln Ile Phe Pro Arg Lys Pro Thr Ala Asn Ala
 7880 7885 7890

gca ttc ata cga gat gga gga ctt atg ctt cga cga cat gca ata 46221
 Ala Phe Ile Arg Asp Gly Gly Leu Met Leu Arg Arg His Ala Ile
 7895 7900 7905

tcg ctg gtc tcc ctc gaa cac acc cta tcg aag tat gtc tag 46263
 Ser Leu Val Ser Leu Glu His Thr Leu Ser Lys Tyr Val
 7910 7915

gcgatataaa tccgtatctc ggagcgggcc ttcgatgcgt gtacgctcca gaacgccatg 46323

ccgccgtcaa accattcgag gaaaacttat gtcaaaggag cggctctgtgt accgccatta 46383
ttttaattac atcgcaaggt cccccccaga agaactagct accgttagag gcttaatcgt 46443
gccaaattatt aagacgaccc ctgtcacccct tccgtttaac ttgggtcaga cagtggcgga 46503
taactgcctg tcgttatccg gaatgggtta tcatttaggt ctcgagggtt attgtccgac 46563
atgcactgca tctggagaac cgcgtctatg tcgaaccgat cgggcggctc tgatactagc 46623
atatgttcag cagcttaaca acatatacga atatcgtgtg tttcttgcac ccattttggc 46683
gctatcagac cgagccaaca tgcaagcagc gtccgctgaa cccctattgt cgagcgtatt 46743
ggcacaaccg gaattatfff ttatgtatca tattatgagg gaggggggca tgcgagatat 46803
acgcgtactt ttttatcgtg atggagatgc cggagggttt atgatgtatg ttatatfccc 46863
ggggaaatct gttcacctcc attacagact aatcgatcat atacaggccg cgtgtcgggg 46923
gtataaaata gtcgcacacg tttggcagac aacattfita ctgtcggtat gtcgcaaccc 46983
agaacaacaa acagagactg tgggtgccatc cattggaaca tcggacgttt actgtaaaat 47043
gtgtgacctt aactttgatg gagaattgct tttggaatac aaaagactct acgcattatt 47103
tgatgacttt gttcctcctc ggtgattfca gcttcagtgt tcattfittatt atcccagcac 47163
ggggcgtgta tacaacaaaa gcctgccgcc tgcaagcggf ttagcatfitt aacgttaaca 47223
actcgtgtct ctggaataaa acgtfittaaa agccgtfctg tgagfittagt gtcgtfittcca 47283
aataacgcct taaaagttac actcgccgct ccaatgagat gagaaaaata atagtcaatg 47343
tttaaagaca gcccggtgta tgttacgtga atgggatctt ccgctaagtc agatattatt 47403
aacttacgct ttgcttcccc acaccgtfita cctgcggtat tctgtaaagg atctccacgt 47463
agcaaagcta cactfitttgc atcagccctcc acttcgtctg tggggggccac aataacataa 47523
gggatgcgtt ctgcaacgtt tgggattfga ccctgtctca ttactaattt ataataact 47583
gttaagtgag ccaagcgacg gtttatgtag gcggatgggt gacgactaag ctcggccgct 47643
ataacaaact tattaatatc caatttgggt gatgtaatct ggcgatgtgc atctgcaatt 47703
atgcgtccaa acccgcccat ccagacggc atggcccgct tattccattc agcaatggaa 47763
acacacgacg cctccgccgc agcacgcgag acggtgtcgt catataacaa cagttctaca 47823

agtttgcggg cataatcggt aataaattga cagttgtttt ttctaaccac gtgcactccc 47883
ttcattaaaa cctttccgcc gtaaattacc ccaatgtact ttttctttgt tataagcaaa 47943
agttttataa aagttttttc acactccaac tttataggag gacaaaacag agccgttgaa 48003
attatatgtg ccattttctc gccgatttta gctatcccct caacactaac acccttgaat 48063
cggataaaca cagaatccgt atctccatat ataaccttta cctcgtacgc tttttgggag 48123
agaacgctac tttcaatgtc tggaaacgct gtaataaaac gttcaaagtc ggcccagtta 48183
ttatgaatat aatctctggt acttaataac atttgacggc caattgtagt gacagtggcc 48243
gctacgtata aacatggcag aaatccctgc gcaactccag taaaaccgta cacggaatta 48303
caaactactt ttatcgcggc ttgttgtttg tctaataaca ctgcttcac tgaagaactt 48363
ccgggtatgc gcgctcta atgccttgcc atagccaacc agtcttttaa aagaacaccc 48423
agcagacttt ctgcgaacgt agagcgcaca aaaaaagac gttttcctcc aactgtaaag 48483
gtggcataat cggatggatt caaacgttta accgtctcaa aatttaacgt tagcgtggta 48543
aaacataagt tatgggcctg aattatactt ggatataaac ttgcaaaatc caatacgacc 48603
accggatcga tataaaatcc cgtatcaggg tcaaaaaccc tggctccttt atatcctaca 48663
tttcgcccac ttgacgtacc agtgggagaa acgctctcgt ctcatccat ctcttcctca 48723
acatccccga catcgggaat aacatcctta tattcaaaag tagctgggta tccccatcg 48783
ggtaaaataa atcctcgaga cgaagccagt cctaataaac aggtgtaaat cctaacctgc 48843
tgtccgtcgt aaatagcctt ggtaaagta attctagcta gccttgcaac cgcggataac 48903
tcaaggtgtg gtaaataattt aaaaaacagt tccccacaa gagccgagtc ttgtatacaa 48963
tattcaccaa taattcctcg tgtattcggc cactagcgt aatatcccgg aatgtctttg 49023
tagggcaaat ctctcttgga ctcatctaga gcttcacgtg caaccgaatc taatttataa 49083
ctcgagagtt ttaatttttc agttgcaatt gcatacatat ccagagatat gagaccgttg 49143
atctttacct tgcttcgtcg ctgaaatccg gatttgccaa catcccatat cttaaacaga 49203
ccccacggt ttatactgcc ataaccatca agcttgagac tgtatataga attaagtttc 49263
tcataataa acgcccacatc aaaattaaca atgttataac ctgtggcaaa ctcgggagcg 49323

tactgtttta cgagggtcat aaatgcaatt aatagctcga attcactatc aaactccagc 49383
acagtcgggt ccggtaaccc cgcgtccttc atttcttgta catacctttg tggtaatgca 49443
caagagccaa gggaaaacag taaaatgtgt tctaaagact gtcgagggat tgaatataat 49503
agacaagaaa tttggattac aagatcctcc agatgtgttg catcgggaaa cgccagctca 49563
ttagatcctc ctgatttaca ttcaatatcg aaacataaca acttgtagtc aggccatgag 49623
tcatcgtttg gtatagcctg cagattatcc gacatgcagt caatttcaac gtcgcttaac 49683
gttaattggc gacttgccgg tcgaactcga acacgttccc catcaactcc aggttttagt 49743
tgataccaac caaaactaac aaagccggga ttatccatta gaaaacgagt ggtagcgtct 49803
acccgacctt catacttttt caactccggg tgaaagttaa cacaagata atttgtaaatt 49863
ttagatgagg gagaatacac cctgtaaaac gcacatggct gtgtatcgta gtaataaaca 49923
tctgtgcgt caataacctc aacgcgaaag ctttctggag atgcgctttt aaacgaggta 49983
ccatgaaaag cgttcttgtc tccatttaac gttgcatcat tttgtgttat catagaactg 50043
cgtaaact cggcaagtaa tacagataac tcgctaccgg aacgtatgcc acaagcggta 50103
tccacctcgg ctttgtttat ataaaaatat tgacagatgc cgtatacatg aactgccacc 50163
cttttccac atcgggacat gccaagtaaa gtaataacgg taccaagcgg tcgtgttgca 50223
gttgcaaacc gggatacatc tccattagac gcggcttctg ttgtttcgac aatatcatat 50283
acatggaatg tgttaaagcg ggggtcaaac ttatccccac gaaagtcgat ttcccccaa 50343
atattcacgc gtctaggcca ggggctggaa caacgaaaat ccagaatcgg aacttctttt 50403
ccattacagt aaactttagg cggtcgacta agtgtaccga cgtgaacccc ctttcgttct 50463
tccatgggca catcttcac taaacattta ggggccaaaa attgaaacga tgacatggta 50523
gttttgtaac tatgaagaaa ttctctgtta ctaccgcgcc cggttcttgg gttatattta 50583
atccctgatg cttgggttaa aaagggatta caaaaccccg ttctgatcgc cattttatgt 50643
taacgattga taatcttgta aaaagccagt gttactgagt aacacaaccc cacgcccttc 50703
taatacataa agtgtaatca cgtgatttgt tgtggtttcc gcatatgtaa taccggttta 50763
aaagcctctc ttcttaatgt atcgacagac tgggttttgg gtggtcattt gaccctgcca 50823

acaaccccc attattacga gtacttcacc aaa atg gaa aat act cag aag	50874
Met Glu Asn Thr Gln Lys	
7920	
act gtg aca gtg ccc acg ggg ccc ctg ggt tac gtt tat gcg tgc	50919
Thr Val Thr Val Pro Thr Gly Pro Leu Gly Tyr Val Tyr Ala Cys	
7925 7930 7935	
cgg gtt gaa gat ttg gat ctg gag gaa att tca ttt ttg gcc gct	50964
Arg Val Glu Asp Leu Asp Leu Glu Glu Ile Ser Phe Leu Ala Ala	
7940 7945 7950	
cgt agc acg gac tct gat ttg gct tta tta cct ttg atg cgt aat	51009
Arg Ser Thr Asp Ser Asp Leu Ala Leu Leu Pro Leu Met Arg Asn	
7955 7960 7965	
ttg acc gtg gaa aaa act ttt aca tcc agc ctg gcg gtg gtt tct	51054
Leu Thr Val Glu Lys Thr Phe Thr Ser Ser Leu Ala Val Val Ser	
7970 7975 7980	
gga gca cgc act acg ggt ctt gcc gga gct ggt att acc tta aaa	51099
Gly Ala Arg Thr Thr Gly Leu Ala Gly Ala Gly Ile Thr Leu Lys	
7985 7990 7995	
ctc act acc agt cat ttc tat cca tct gtc ttt gtc ttt cac gga	51144
Leu Thr Thr Ser His Phe Tyr Pro Ser Val Phe Val Phe His Gly	
8000 8005 8010	
ggc aaa cac gtt tta ccc agc tcc gcg gcc cca aat ctc aca cgc	51189
Gly Lys His Val Leu Pro Ser Ser Ala Ala Pro Asn Leu Thr Arg	
8015 8020 8025	
gcg tgt aac gcg gct cga gaa cgg ttt ggg ttt tca cgc tgc caa	51234
Ala Cys Asn Ala Ala Arg Glu Arg Phe Gly Phe Ser Arg Cys Gln	
8030 8035 8040	
ggg cct cct gtt gac ggt gct gtt gag acg acc ggc gct gag ata	51279
Gly Pro Pro Val Asp Gly Ala Val Glu Thr Thr Gly Ala Glu Ile	
8045 8050 8055	
tgc acc cgc ctt gga tta gag cca gaa aat aca ata tta tac ttg	51324
Cys Thr Arg Leu Gly Leu Glu Pro Glu Asn Thr Ile Leu Tyr Leu	
8060 8065 8070	
gtg gtc acg gca ttg ttt aag gaa gcc gta ttt atg tgc aac gtg	51369
Val Val Thr Ala Leu Phe Lys Glu Ala Val Phe Met Cys Asn Val	
8075 8080 8085	
ttt ctg cat tat gga gga ctc gat att gtt cat att aac cat ggg	51414

Phe 8090	Leu	His	Tyr	Gly	Gly 8095	Leu	Asp	Ile	Val	His 8100	Ile	Asn	His	Gly	
gat 8105	gtt	ata	cgt	ata	ccg 8110	tta	ttt	ccg	gta	caa 8115	ctt	ttc	atg	ccc	51459
Asp	Val	Ile	Arg	Ile	Pro	Leu	Phe	Pro	Val	Gln	Leu	Phe	Met	Pro	
gat 8120	gtt	aac	cgt	ctg	gta 8125	ccc	gac	cca	ttc	aac 8130	act	cat	cac	agg	51504
Asp	Val	Asn	Arg	Leu	Val	Pro	Asp	Pro	Phe	Asn	Thr	His	His	Arg	
tct 8135	atc	gga	gag	ggt	ttt 8140	gta	tac	cca	aca	ccc 8145	ttt	tat	aac	acc	51549
Ser	Ile	Gly	Glu	Gly	Phe	Val	Tyr	Pro	Thr	Pro	Phe	Tyr	Asn	Thr	
ggg 8150	ttg	tgc	cat	tta	ata 8155	cat	gac	tgt	gtt	att 8160	gct	ccc	atg	gcc	51594
Gly	Leu	Cys	His	Leu	Ile	His	Asp	Cys	Val	Ile	Ala	Pro	Met	Ala	
gtt 8165	gcc	ttg	cgc	gtc	aga 8170	aat	gta	act	gcc	gtc 8175	gcc	cga	gga	gcg	51639
Val	Ala	Leu	Arg	Val	Arg	Asn	Val	Thr	Ala	Val	Ala	Arg	Gly	Ala	
gcc 8180	cac	ctt	gct	ttt	gat 8185	gaa	aat	cac	gag	ggg 8190	gca	gta	ctc	ccc	51684
Ala	His	Leu	Ala	Phe	Asp	Glu	Asn	His	Glu	Gly	Ala	Val	Leu	Pro	
cct 8195	gac	att	acg	tac	acg 8200	tat	ttt	cag	tcc	tct 8205	tca	agt	gga	acc	51729
Pro	Asp	Ile	Thr	Tyr	Thr	Tyr	Phe	Gln	Ser	Ser	Ser	Ser	Gly	Thr	
act 8210	acc	gcc	cgt	gga	gcg 8215	cgt	cga	aac	gat	gtc 8220	aac	tcc	acg	tct	51774
Thr	Thr	Ala	Arg	Gly	Ala	Arg	Arg	Asn	Asp	Val	Asn	Ser	Thr	Ser	
aag 8225	cct	agc	cca	tcg	ggg 8230	ggg	ttt	gaa	aga	cgg 8235	ttg	gcg	tct	att	51819
Lys	Pro	Ser	Pro	Ser	Gly	Gly	Phe	Glu	Arg	Arg	Leu	Ala	Ser	Ile	
atg 8240	gcc	gct	gac	aca	gcc 8245	ttg	cac	gca	gaa	gtt 8250	ata	ttc	aac	act	51864
Met	Ala	Ala	Asp	Thr	Ala	Leu	His	Ala	Glu	Val	Ile	Phe	Asn	Thr	
gga 8255	att	tac	gaa	gaa	act 8260	cca	aca	gat	atc	aaa 8265	gaa	tgg	cca	atg	51909
Gly	Ile	Tyr	Glu	Glu	Thr	Pro	Thr	Asp	Ile	Lys	Glu	Trp	Pro	Met	
ttt 8270	ata	ggc	atg	gag	ggc 8275	act	ttg	cca	agg	cta 8280	aac	gct	ctg	ggg	51954
Phe	Ile	Gly	Met	Glu	Gly	Thr	Leu	Pro	Arg	Leu	Asn	Ala	Leu	Gly	

tca Ser 8285	tat Tyr	acc Thr	gct Ala	cgt Arg	gtg Val 8290	gcc Ala	ggg Gly	gtc Val	att Ile	ggt Gly 8295	gcg Ala	atg Met	gtt Val	ttc Phe	51999
agc Ser 8300	cca Pro	aat Asn	tct Ser	gcg Ala	ttg Leu 8305	tat Tyr	cta Leu	act Thr	gag Glu	gtg Val 8310	gag Glu	gat Asp	agc Ser	ggg Gly	52044
atg Met 8315	acc Thr	gaa Glu	gcc Ala	aag Lys	gat Asp 8320	ggg Gly	gga Gly	ccg Pro	ggt Gly	cca Pro 8325	tca Ser	ttt Phe	aat Asn	cga Arg	52089
ttt Phe 8330	tac Tyr	cag Gln	ttt Phe	gcc Ala	gga Gly 8335	cct Pro	cat His	tta Leu	gct Ala	gcg Ala 8340	aat Asn	ccc Pro	caa Gln	aca Thr	52134
gat Asp 8345	cga Arg	gat Asp	ggc Gly	cac His	gtt Val 8350	cta Leu	tcc Ser	agt Ser	cag Gln	tct Ser 8355	acg Thr	ggt Gly	tca Ser	tca Ser	52179
aac Asn 8360	aca Thr	gag Glu	ttt Phe	agc Ser	gtg Val 8365	gat Asp	tat Tyr	ttg Leu	gca Ala	ctc Leu 8370	att Ile	tgt Cys	gga Gly	ttt Phe	52224
gga Gly 8375	gca Ala	ccc Pro	ctg Leu	ttg Leu	gcg Ala 8380	cga Arg	ctg Leu	ctt Leu	ttt Phe	tat Tyr 8385	cta Leu	gaa Glu	cgc Arg	tgt Cys	52269
gac Asp 8390	gct Ala	ggt Gly	gcg Ala	ttt Phe	aca Thr 8395	ggg Gly	ggt Gly	cac His	ggg Gly	gat Asp 8400	gcg Ala	tta Leu	aaa Lys	tat Tyr	52314
gtt Val 8405	acg Thr	ggg Gly	acc Thr	ttt Phe	gac Asp 8410	tct Ser	gaa Glu	att Ile	cca Pro	tgt Cys 8415	agt Ser	tta Leu	tgt Cys	gaa Glu	52359
aaa Lys 8420	cac His	acg Thr	cgg Arg	ccg Pro	gta Val 8425	tgc Cys	gct Ala	cac His	aca Thr	aca Thr 8430	gta Val	cac His	cga Arg	ctt Leu	52404
aga Arg 8435	caa Gln	cgc Arg	atg Met	ccg Pro	cga Arg 8440	ttt Phe	gga Gly	caa Gln	gcc Ala	acc Thr 8445	cgt Arg	caa Gln	cct Pro	att Ile	52449
ggg Gly 8450	gtg Val	ttt Phe	gga Gly	aca Thr	atg Met 8455	aac Asn	agc Ser	caa Gln	tat Tyr	agc Ser 8460	gac Asp	tgc Cys	gat Asp	cct Pro	52494
cta 8500	gga 8505	aac 8510	tat 8515	gct 8520	cca 8525	tat 8530	tta 8535	atc 8540	ctt 8545	cga 8550	aaa 8555	ccc 8560	ggg 8565	gat 8570	52539

Leu 8465	Gly	Asn	Tyr	Ala	Pro 8470	Tyr	Leu	Ile	Leu	Arg 8475	Lys	Pro	Gly	Asp	
caa	acg	gaa	gca	gca	aag	gca	acc	atg	cag	gac	act	tat	agg	gct	52584
Gln 8480	Thr	Glu	Ala	Ala	Lys 8485	Ala	Thr	Met	Gln	Asp 8490	Thr	Tyr	Arg	Ala	
aca	cta	gaa	cgc	ttg	ttt	atc	gat	cta	gaa	caa	gag	cga	cta	ctg	52629
Thr 8495	Leu	Glu	Arg	Leu	Phe 8500	Ile	Asp	Leu	Glu	Gln 8505	Glu	Arg	Leu	Leu	
gat	cgc	ggt	gcc	cca	tgt	tct	tcc	gag	gga	cta	tcg	tct	gtc	att	52674
Asp 8510	Arg	Gly	Ala	Pro	Cys 8515	Ser	Ser	Glu	Gly	Leu 8520	Ser	Ser	Val	Ile	
gtg	gat	cat	cca	acg	ttt	cgt	cgc	ata	tta	gac	aca	ctg	cgt	gcg	52719
Val 8525	Asp	His	Pro	Thr	Phe 8530	Arg	Arg	Ile	Leu	Asp 8535	Thr	Leu	Arg	Ala	
cgt	ata	gaa	cag	aca	aca	aca	caa	ttt	atg	aaa	gtg	ttg	gtt	gag	52764
Arg 8540	Ile	Glu	Gln	Thr	Thr 8545	Thr	Gln	Phe	Met	Lys 8550	Val	Leu	Val	Glu	
acc	cgc	gat	tat	aag	atc	cgt	gaa	gga	tta	tcc	gaa	gcc	acc	cat	52809
Thr 8555	Arg	Asp	Tyr	Lys	Ile 8560	Arg	Glu	Gly	Leu	Ser 8565	Glu	Ala	Thr	His	
tca	atg	gcg	tta	acg	ttt	gat	cca	tac	tca	gga	gca	ttt	tgt	ccc	52854
Ser 8570	Met	Ala	Leu	Thr	Phe 8575	Asp	Pro	Tyr	Ser	Gly 8580	Ala	Phe	Cys	Pro	
att	acc	aat	ttt	tta	gtt	aaa	cga	aca	cac	cta	gcc	gtg	gta	caa	52899
Ile 8585	Thr	Asn	Phe	Leu	Val 8590	Lys	Arg	Thr	His	Leu 8595	Ala	Val	Val	Gln	
gac	tta	gca	tta	agc	caa	tgt	cat	tgt	gta	ttt	tac	gga	cag	caa	52944
Asp 8600	Leu	Ala	Leu	Ser	Gln 8605	Cys	His	Cys	Val	Phe 8610	Tyr	Gly	Gln	Gln	
gtt	gag	ggg	cgg	aac	ttt	cgt	aac	caa	ttc	caa	cct	gtt	ttg	cgg	52989
Val 8615	Glu	Gly	Arg	Asn	Phe 8620	Arg	Asn	Gln	Phe	Gln 8625	Pro	Val	Leu	Arg	
cgg	cgt	ttt	gtt	gac	ctg	ttt	aat	ggg	ggg	ttt	ata	tca	aca	cgc	53034
Arg 8630	Arg	Phe	Val	Asp	Leu 8635	Phe	Asn	Gly	Gly	Phe 8640	Ile	Ser	Thr	Arg	
tct	ata	acc	gta	aca	tta	tct	gaa	ggt	cct	gta	tcc	gcc	cca	aat	53079
Ser 8645	Ile	Thr	Val	Thr	Leu 8650	Ser	Glu	Gly	Pro	Val 8655	Ser	Ala	Pro	Asn	

ccg Pro 8660	aca Thr	ttg Leu	gga Gly	caa Gln	gac Asp 8665	gcg Ala	ccc Pro	gcg Ala	ggg Gly	cgt Arg 8670	acc Thr	ttt Phe	gat Asp	ggg Gly	53124
gat Asp 8675	tta Leu	gcg Ala	cgc Arg	gta Val	agc Ser 8680	gtg Val	gaa Glu	gtt Val	att Ile	cgg Arg 8685	gat Asp	ata Ile	cga Arg	gtt Val	53169
aaa Lys 8690	aat Asn	agg Arg	gtc Val	gtt Val	ttt Phe 8695	tca Ser	ggt Gly	aac Asn	tgt Cys	aca Thr 8700	aat Asn	ctc Leu	tct Ser	gag Glu	53214
gca Ala 8705	gcc Ala	cgg Arg	gca Ala	agg Arg	ctt Leu 8710	gta Val	ggc Gly	ctt Leu	gca Ala	agt Ser 8715	gcg Ala	tac Tyr	caa Gln	cgc Arg	53259
caa Gln 8720	gaa Glu	aaa Lys	aga Arg	gtg Val	gat Asp 8725	atg Met	tta Leu	cac His	ggg Gly	gcc Ala 8730	cta Leu	ggg Gly	ttt Phe	ttg Leu	53304
ctt Leu 8735	aaa Lys	cag Gln	ttt Phe	cac His	ggc Gly 8740	ctg Leu	tta Leu	ttt Phe	cct Pro	cgg Arg 8745	ggt Gly	atg Met	cca Pro	cca Pro	53349
aac Asn 8750	agt Ser	aaa Lys	tcc Ser	ccc Pro	aac Asn 8755	ccg Pro	cag Gln	tgg Trp	ttt Phe	tgg Trp 8760	acc Thr	ctg Leu	tta Leu	caa Gln	53394
cgc Arg 8765	aac Asn	cag Gln	atg Met	ccg Pro	gca Ala 8770	gat Asp	aaa Lys	ctt Leu	aca Thr	cac His 8775	gaa Glu	gag Glu	att Ile	acc Thr	53439
act Thr 8780	att Ile	gca Ala	gct Ala	gtt Val	aaa Lys 8785	cgg Arg	ttt Phe	acc Thr	gag Glu	gaa Glu 8790	tat Tyr	gca Ala	gca Ala	ata Ile	53484
aac Asn 8795	ttt Phe	att Ile	aat Asn	cta Leu	ccc Pro 8800	cca Pro	acc Thr	tgc Cys	ata Ile	gga Gly 8805	gaa Glu	tta Leu	gcc Ala	cag Gln	53529
ttt Phe 8810	tat Tyr	atg Met	gca Ala	aat Asn	ctt Leu 8815	att Ile	ctt Leu	aaa Lys	tac Tyr	tgc Cys 8820	gat Asp	cat His	tca Ser	cag Gln	53574
tac Tyr 8825	ctt Leu	ata Ile	aat Asn	acc Thr	tta Leu 8830	act Thr	tct Ser	ata Ile	att Ile	acg Thr 8835	ggt Gly	gcc Ala	agg Arg	cgc Arg	53619
ccg 8860	cgt 8865	gac 8870	cca 8875	tca 8880	tcc 8885	gtt 8890	ttg 8895	cat 8900	tgg 8905	att 8910	cgt 8915	aaa 8920	gat 8925	gtc 8930	53664

Pro 8840	Arg	Asp	Pro	Ser	Ser	Val	Leu	His	Trp	Ile	Arg	Lys	Asp	Val	
					8845					8850					
acg Thr 8855	tcc Ser	gcc Ala	gcg Ala	gac Asp	ata Ile	gaa Glu	acc Thr	caa Gln	gca Ala	aag Lys	gcg Ala	ctt Leu	ctt Leu	gaa Glu	53709
					8860					8865					
aaa Lys 8870	acg Thr	gaa Glu	aac Asn	tta Leu	ccg Pro	gaa Glu	tta Leu	tgg Trp	act Thr	acg Thr	gct Ala	ttt Phe	act Thr	tca Ser	53754
					8875					8880					
act Thr 8885	cat His	tta Leu	gtc Val	cgc Arg	gcg Ala	gcc Ala	atg Met	aat Asn	caa Gln	cgt Arg	ccc Pro	atg Met	gtc Val	gtt Val	53799
					8890					8895					
tta Leu 8900	gga Gly	ata Ile	agc Ser	att Ile	agt Ser	aaa Lys	tat Tyr	cac His	gga Gly	gcg Ala	gca Ala	gga Gly	aac Asn	aac Asn	53844
					8905					8910					
cgc Arg 8915	gtc Val	ttt Phe	cag Gln	gca Ala	ggg Gly	aat Asn	tgg Trp	agc Ser	ggt Gly	tta Leu	aac Asn	ggg Gly	ggt Gly	aaa Lys	53889
					8920					8925					
aat Asn 8930	gta Val	tgc Cys	ccg Pro	cta Leu	ttt Phe	aca Thr	ttt Phe	gat Asp	cgc Arg	act Thr	cgc Arg	cgt Arg	ttt Phe	ata Ile	53934
					8935					8940					
ata Ile 8945	gca Ala	tgt Cys	cct Pro	aga Arg	gga Gly	ggt Gly	ttt Phe	atc Ile	tgc Cys	ccc Pro	gta Val	aca Thr	ggt Gly	ccc Pro	53979
					8950					8955					
tcg Ser 8960	tcg Ser	gga Gly	aat Asn	cga Arg	gaa Glu	acc Thr	acc Thr	cta Leu	tcc Ser	gac Asp	caa Gln	gtt Val	cgc Arg	ggt Gly	54024
					8965					8970					
ata Ile 8975	att Ile	gtc Val	agt Ser	ggc Gly	ggg Gly	gcc Ala	atg Met	gtt Val	caa Gln	tta Leu	gcc Ala	ata Ile	tac Tyr	gcc Ala	54069
					8980					8985					
acg Thr 8990	gtt Val	gtg Val	cgt Arg	gca Ala	gtg Val	ggc Gly	gct Ala	cga Arg	gca Ala	caa Gln	cat His	atg Met	gca Ala	ttt Phe	54114
					8995					9000					
gac Asp 9005	gac Asp	tgg Trp	tta Leu	agt Ser	ctt Leu	aca Thr	gac Asp	gat Asp	gag Glu	ttt Phe	tta Leu	gcc Ala	aga Arg	gac Asp	54159
					9010					9015					
ttg Leu 9020	gag Glu	gag Glu	tta Leu	cac His	gac Asp	cag Gln	att Ile	atc Ile	caa Gln	acc Thr	ctg Leu	gaa Glu	acg Thr	ccc Pro	54204
					9025					9030					

tgg acc gta gaa ggc gct cta gaa gca gta aag att cta gat gaa 54249
 Trp Thr Val Glu Gly Ala Leu Glu Ala Val Lys Ile Leu Asp Glu
 9035 9040 9045

aaa acg aca gcg gga gat ggg gaa acc ccc aca aac cta gca ttt 54294
 Lys Thr Thr Ala Gly Asp Gly Glu Thr Pro Thr Asn Leu Ala Phe
 9050 9055 9060

aat ttt gat tct tgt gaa cca agc cat gac acc aca tct aac gta 54339
 Asn Phe Asp Ser Cys Glu Pro Ser His Asp Thr Thr Ser Asn Val
 9065 9070 9075

tta aac att tca ggg tca aac att tca ggg tca act gtc cct ggt 54384
 Leu Asn Ile Ser Gly Ser Asn Ile Ser Gly Ser Thr Val Pro Gly
 9080 9085 9090

ctt aaa cga ccc ccc gaa gat gac gaa ctc ttt gat ctt agt ggt 54429
 Leu Lys Arg Pro Pro Glu Asp Asp Glu Leu Phe Asp Leu Ser Gly
 9095 9100 9105

att ccc ata aaa cat ggg aac att aca atg gaa atg att taa 54471
 Ile Pro Ile Lys His Gly Asn Ile Thr Met Glu Met Ile
 9110 9115 9120

cctccctctt tatccaatta aagcccacac gcgggtgagt gtacgtaata aacaagtcaa 54531

tattacatat tctgttgtgt tttctttttt tgttgttagt cttacccat atgacctgta 54591

atatagtgtg tctccaacca ttcagcttac agtccagtgg acagtaacag cccgataac 54650

atg gaa ttg gat att aat cga aca ttg ttg gtt cta ctg ggt caa 54695
 Met Glu Leu Asp Ile Asn Arg Thr Leu Leu Val Leu Leu Gly Gln
 9125 9130 9135

gtt tat acg tac atc ttt cag gtt gaa ctg cta cgt cga tgt gat 54740
 Val Tyr Thr Tyr Ile Phe Gln Val Glu Leu Leu Arg Arg Cys Asp
 9140 9145 9150

cca agg gtg gcg tgt cgc ttt tta tat cgg tta gcg gct aac tgt 54785
 Pro Arg Val Ala Cys Arg Phe Leu Tyr Arg Leu Ala Ala Asn Cys
 9155 9160 9165

ttg aca gtt cgt tat tta tta aag ctg ttt ctc cgg gga ttt aat 54830
 Leu Thr Val Arg Tyr Leu Leu Lys Leu Phe Leu Arg Gly Phe Asn
 9170 9175 9180

acc cag cta aaa ttt gga aac act ccc acg gtt tgt gca ctg cat 54875
 Thr Gln Leu Lys Phe Gly Asn Thr Pro Thr Val Cys Ala Leu His
 9185 9190 9195

ttg gca tta	tgt tat gta aag gga	gaa ggt gag cgt ttg	ttt gag	54920
Trp Ala Leu	Cys Tyr Val Lys Gly	Glu Gly Glu Arg Leu	Phe Glu	
9200	9205	9210		
ttg cta caa	cat ttt aaa acg cgt	ttt gtt tat ggt gag	act aaa	54965
Leu Leu Gln	His Phe Lys Thr Arg	Phe Val Tyr Gly Glu	Thr Lys	
9215	9220	9225		
gac tca aac	tgt atc aaa gat tac	ttt gtc tca gcg ttt	aac tta	55010
Asp Ser Asn	Cys Ile Lys Asp Tyr	Phe Val Ser Ala Phe	Asn Leu	
9230	9235	9240		
aaa acc tgc	caa tat cac cat gag	ctg tcg tta aca aca	tac gga	55055
Lys Thr Cys	Gln Tyr His His Glu	Leu Ser Leu Thr Thr	Tyr Gly	
9245	9250	9255		
ggt tac gta	tcg agt gaa att cag	ttt tta cac gac att	gag aat	55100
Gly Tyr Val	Ser Ser Glu Ile Gln	Phe Leu His Asp Ile	Glu Asn	
9260	9265	9270		
ttt tta aaa	cag ctt aat tac tgc	tat att atc acg tct	tct cgt	55145
Phe Leu Lys	Gln Leu Asn Tyr Cys	Tyr Ile Ile Thr Ser	Ser Arg	
9275	9280	9285		
gag gcg cta	aac aca ttg gaa acc	gtg acg cgg ttt atg	aca gat	55190
Glu Ala Leu	Asn Thr Leu Glu Thr	Val Thr Arg Phe Met	Thr Asp	
9290	9295	9300		
act ata gga	agc ggt cta ata cca	ccc gtg gag ttg ttt	gat ccg	55235
Thr Ile Gly	Ser Gly Leu Ile Pro	Pro Val Glu Leu Phe	Asp Pro	
9305	9310	9315		
gcg cat cca	tgt gct ata tgt ttt	gaa gaa tta tgt ata	aca gct	55280
Ala His Pro	Cys Ala Ile Cys Phe	Glu Glu Leu Cys Ile	Thr Ala	
9320	9325	9330		
aac caa ggt	gag acc tta cat cgt	aga tta tta gga tgt	atc tgc	55325
Asn Gln Gly	Glu Thr Leu His Arg	Arg Leu Leu Gly Cys	Ile Cys	
9335	9340	9345		
gat cac gtt	act aag caa gtt cgg	gtt aac gtg gat gtt	gac gat	55370
Asp His Val	Thr Lys Gln Val Arg	Val Asn Val Asp Val	Asp Asp	
9350	9355	9360		
att att cgg	tgt tta cca tat atc	cct gat gta ccg gat	atc aaa	55415
Ile Ile Arg	Cys Leu Pro Tyr Ile	Pro Asp Val Pro Asp	Ile Lys	
9365	9370	9375		
cgt caa tcc	gcc gtt gaa gcg tta	cga aca ctt caa acc	aag acg	55460

Arg Gln Ser	Ala Val Glu Ala Leu	Arg Thr Leu Gln Thr	Lys Thr	
9380	9385	9390		
gta gtc aat	ccc atg gga gca aag	aac gat acg ttt gac	caa aca	55505
Val Val Asn	Pro Met Gly Ala Lys	Asn Asp Thr Phe Asp	Gln Thr	
9395	9400	9405		
tac gaa att	gcg agc acc atg ctt	gat tct tat aat gtt	ttt aaa	55550
Tyr Glu Ile	Ala Ser Thr Met Leu	Asp Ser Tyr Asn Val	Phe Lys	
9410	9415	9420		
cct gcc cct	cgg tgt atg tac gcc	atc agc gag ctt aaa	ttc tgg	55595
Pro Ala Pro	Arg Cys Met Tyr Ala	Ile Ser Glu Leu Lys	Phe Trp	
9425	9430	9435		
tta acg tct	aat tcc act gaa gga	ccc caa cgt act tta	gac gtg	55640
Leu Thr Ser	Asn Ser Thr Glu Gly	Pro Gln Arg Thr Leu	Asp Val	
9440	9445	9450		
ttt gtt gat	aat ttg gat gta tta	aac gaa cat gaa aaa	cac gca	55685
Phe Val Asp	Asn Leu Asp Val Leu	Asn Glu His Glu Lys	His Ala	
9455	9460	9465		
gaa ctt aca	gcc gta acg gtt gag	ttg gcg tta ttt gga	aaa act	55730
Glu Leu Thr	Ala Val Thr Val Glu	Leu Ala Leu Phe Gly	Lys Thr	
9470	9475	9480		
ccc ata cac	ttt gat agg gcg ttt	tct gaa gaa ctc gga	tct ctg	55775
Pro Ile His	Phe Asp Arg Ala Phe	Ser Glu Glu Leu Gly	Ser Leu	
9485	9490	9495		
gat gca att	gat agt att ttg gtt	ggc aat cgc tca tcc	tca cca	55820
Asp Ala Ile	Asp Ser Ile Leu Val	Gly Asn Arg Ser Ser	Ser Pro	
9500	9505	9510		
gac agt cag	ata gaa gca tta att	aaa gcc tgt tat gcc	cat cat	55865
Asp Ser Gln	Ile Glu Ala Leu Ile	Lys Ala Cys Tyr Ala	His His	
9515	9520	9525		
cta tcg tcg	cct ctc atg cgt cac	att tct aac ccg agt	cat gat	55910
Leu Ser Ser	Pro Leu Met Arg His	Ile Ser Asn Pro Ser	His Asp	
9530	9535	9540		
aac gaa gcc	gcc tta cgc caa ctt	tta gaa aga gtt ggg	tgt gag	55955
Asn Glu Ala	Ala Leu Arg Gln Leu	Leu Glu Arg Val Gly	Cys Glu	
9545	9550	9555		
gat gat tta	acc aaa gag gcg agt	gac agc gct aca gca	tcc gaa	56000
Asp Asp Leu	Thr Lys Glu Ala Ser	Asp Ser Ala Thr Ala	Ser Glu	
9560	9565	9570		

tgt gat ctg	aac gat gat agt agc	ata act ttt gct gtt	cat gga	56045
Cys Asp Leu	Asn Asp Asp Ser Ser	Ile Thr Phe Ala Val	His Gly	
9575	9580	9585		
tgg gaa aac	ctg tta tcc aaa gca	aaa att gac gct gcg	gaa aga	56090
Trp Glu Asn	Leu Leu Ser Lys Ala	Lys Ile Asp Ala Ala	Glu Arg	
9590	9595	9600		
aaa cga gta	tat ctt gaa cat ctg	tct aag cgc tct cta	acc agc	56135
Lys Arg Val	Tyr Leu Glu His Leu	Ser Lys Arg Ser Leu	Thr Ser	
9605	9610	9615		
ctc ggt aga	tgt atc cgc gaa cag	cgc caa gag cta gaa	aaa aca	56180
Leu Gly Arg	Cys Ile Arg Glu Gln	Arg Gln Glu Leu Glu	Lys Thr	
9620	9625	9630		
ctc agg gta	aac gtt tat gga gag	gcc tta ttg cag aca	ttt gtt	56225
Leu Arg Val	Asn Val Tyr Gly Glu	Ala Leu Leu Gln Thr	Phe Val	
9635	9640	9645		
tcg atg caa	aat ggg ttt ggg gca	cga aac gtg ttt tta	gct aag	56270
Ser Met Gln	Asn Gly Phe Gly Ala	Arg Asn Val Phe Leu	Ala Lys	
9650	9655	9660		
gtt tcc cag	gca ggg tgt att atc	gac aat cgc att cag	gaa gcg	56315
Val Ser Gln	Ala Gly Cys Ile Ile	Asp Asn Arg Ile Gln	Glu Ala	
9665	9670	9675		
gcc ttt gat	gca cat aga ttt ata	agg aat acc tta gtt	cga cat	56360
Ala Phe Asp	Ala His Arg Phe Ile	Arg Asn Thr Leu Val	Arg His	
9680	9685	9690		
aca gta gat	gcg gct atg tta cct	gca ctt aca cat aaa	ttt ttt	56405
Thr Val Asp	Ala Ala Met Leu Pro	Ala Leu Thr His Lys	Phe Phe	
9695	9700	9705		
gag ttg gtc	aac ggc cca ttg ttt	aat cac gat gaa cac	cgt ttt	56450
Glu Leu Val	Asn Gly Pro Leu Phe	Asn His Asp Glu His	Arg Phe	
9710	9715	9720		
gca caa ccc	cct aac acc gcc tta	ttt ttt acc gtg gaa	aac gtt	56495
Ala Gln Pro	Pro Asn Thr Ala Leu	Phe Phe Thr Val Glu	Asn Val	
9725	9730	9735		
ggc cta ttt	ccg cac tta aaa gag	gaa ttg gca aag ttt	atg ggc	56540
Gly Leu Phe	Pro His Leu Lys Glu	Glu Leu Ala Lys Phe	Met Gly	
9740	9745	9750		
ggg gtc gtt	ggg tcc aac tgg ctt	ctc agt cca ttt agg	ggc ttt	56585

Gly Val Val	Gly Ser Asn Trp Leu	Leu Ser Pro Phe Arg	Gly Phe	
9755	9760	9765		
tat tgc ttt	tct ggg gta gaa ggc	gtt act ttt gca cag	aga ctt	56630
Tyr Cys Phe	Ser Gly Val Glu Gly	Val Thr Phe Ala Gln	Arg Leu	
9770	9775	9780		
gcc tgg aaa	tat att agg gag ctt	gtg ttt gca acc aca	cta ttc	56675
Ala Trp Lys	Tyr Ile Arg Glu Leu	Val Phe Ala Thr Thr	Leu Phe	
9785	9790	9795		
acc tct gtt	ttc cat tgt ggg gag	gtg cgg tta tgt cgc	gtt gac	56720
Thr Ser Val	Phe His Cys Gly Glu	Val Arg Leu Cys Arg	Val Asp	
9800	9805	9810		
cgt cta ggt	aag gat cca cgc ggg	tgc acg tct caa cct	aaa ggt	56765
Arg Leu Gly	Lys Asp Pro Arg Gly	Cys Thr Ser Gln Pro	Lys Gly	
9815	9820	9825		
ata ggc agt	tcc cac gga ccc tta	gac ggc att tat tta	acg tac	56810
Ile Gly Ser	Ser His Gly Pro Leu	Asp Gly Ile Tyr Leu	Thr Tyr	
9830	9835	9840		
gaa gaa aca	tgt ccc ctt gtg gct	att att caa agt gga	gaa aca	56855
Glu Glu Thr	Cys Pro Leu Val Ala	Ile Ile Gln Ser Gly	Glu Thr	
9845	9850	9855		
ggg atc gac	cag aat acc gtc gta	atc tac gat tca gac	gtt ttt	56900
Gly Ile Asp	Gln Asn Thr Val Val	Ile Tyr Asp Ser Asp	Val Phe	
9860	9865	9870		
tct ctt cta	tac acc cta atg cag	cgg ctg gct ccg gat	tca acg	56945
Ser Leu Leu	Tyr Thr Leu Met Gln	Arg Leu Ala Pro Asp	Ser Thr	
9875	9880	9885		
gac ccg gcg	ttt tca taa cctccgttac	gggggtgtgg ttatgctttt		56993
Asp Pro Ala	Phe Ser			
9890				
tatgcatatt ttct	atg ttt gtt	acg gcg gtt gtg tcg	gtc tct cca agc	57043
	Met Phe Val	Thr Ala Val Val Ser	Val Ser Pro Ser	
	9895	9900		
tcg ttt tat	gag agt tta	caa gta gag ccc aca	caa tca gaa gat	57088
Ser Phe Tyr	Glu Ser Leu	Gln Val Glu Pro Thr	Gln Ser Glu Asp	
9905	9910	9915		
ata acc cgg	tct gct cat	ctg ggc gat ggt gat	gaa atc aga gaa	57133
Ile Thr Arg	Ser Ala His	Leu Gly Asp Gly Asp	Glu Ile Arg Glu	
9920	9925	9930		

gct	ata	cac	aag	tcc	cag	gac	gcc	gaa	aca	aaa	ccc	acg	ttt	tac	57178
Ala	Ile	His	Lys	Ser	Gln	Asp	Ala	Glu	Thr	Lys	Pro	Thr	Phe	Tyr	
9935					9940					9945					
gtc	tgc	cca	ccg	cca	aca	ggc	tcc	aca	atc	gta	cga	tta	gaa	cca	57223
Val	Cys	Pro	Pro	Pro	Thr	Gly	Ser	Thr	Ile	Val	Arg	Leu	Glu	Pro	
9950					9955					9960					
act	cgg	aca	tgt	ccg	gat	tat	cac	ctt	ggt	aaa	aac	ttt	aca	gag	57268
Thr	Arg	Thr	Cys	Pro	Asp	Tyr	His	Leu	Gly	Lys	Asn	Phe	Thr	Glu	
9965					9970					9975					
ggt	att	gct	ggt	ggt	tat	aaa	gaa	aac	att	gca	gcg	tac	aag	ttt	57313
Gly	Ile	Ala	Val	Val	Tyr	Lys	Glu	Asn	Ile	Ala	Ala	Tyr	Lys	Phe	
9980					9985					9990					
aag	gcg	acg	gta	tat	tac	aaa	gat	ggt	atc	ggt	agc	acg	gcg	tgg	57358
Lys	Ala	Thr	Val	Tyr	Tyr	Lys	Asp	Val	Ile	Val	Ser	Thr	Ala	Trp	
9995					10000					10005					
gcc	gga	agt	tct	tat	acg	caa	att	act	aat	aga	tat	gcg	gat	agg	57403
Ala	Gly	Ser	Ser	Tyr	Thr	Gln	Ile	Thr	Asn	Arg	Tyr	Ala	Asp	Arg	
10010					10015					10020					
gta	cca	att	ccc	ggt	tca	gag	atc	acg	gac	acc	att	gat	aag	ttt	57448
Val	Pro	Ile	Pro	Val	Ser	Glu	Ile	Thr	Asp	Thr	Ile	Asp	Lys	Phe	
10025					10030					10035					
ggc	aag	tgt	tct	tct	aaa	gca	acg	tac	gta	cga	aat	aac	cac	aaa	57493
Gly	Lys	Cys	Ser	Ser	Lys	Ala	Thr	Tyr	Val	Arg	Asn	Asn	His	Lys	
10040					10045					10050					
ggt	gaa	gcc	ttt	aat	gag	gat	aaa	aat	cca	cag	gat	atg	cct	cta	57538
Val	Glu	Ala	Phe	Asn	Glu	Asp	Lys	Asn	Pro	Gln	Asp	Met	Pro	Leu	
10055					10060					10065					
atc	gca	tca	aaa	tat	aat	tct	gtg	gga	tcc	aaa	gca	tgg	cat	act	57583
Ile	Ala	Ser	Lys	Tyr	Asn	Ser	Val	Gly	Ser	Lys	Ala	Trp	His	Thr	
10070					10075					10080					
acc	aat	gac	acg	tac	atg	ggt	gcc	gga	acc	ccc	gga	aca	tat	agg	57628
Thr	Asn	Asp	Thr	Tyr	Met	Val	Ala	Gly	Thr	Pro	Gly	Thr	Tyr	Arg	
10085					10090					10095					
acg	ggc	acg	tcg	gtg	aat	tgc	atc	att	gag	gaa	ggt	gaa	gcc	aga	57673
Thr	Gly	Thr	Ser	Val	Asn	Cys	Ile	Ile	Glu	Glu	Val	Glu	Ala	Arg	
10100					10105					10110					
tca	ata	ttc	cct	tat	gat	agt	ttt	gga	ctt	tcc	acg	gga	gat	ata	57718

Ser 10115	Ile	Phe	Pro	Tyr	Asp 10120	Ser	Phe	Gly	Leu	Ser 10125	Thr	Gly	Asp	Ile	
ata	tac	atg	tcc	ccg	ttt	ttt	ggc	cta	cgg	gat	ggg	gca	tac	aga	57763
Ile 10130	Tyr	Met	Ser	Pro	Phe 10135	Phe	Gly	Leu	Arg	Asp 10140	Gly	Ala	Tyr	Arg	
gaa 10145	cat	tcc	aat	tat	gca 10150	atg	gat	cgt	ttt	cac 10155	cag	ttt	gag	ggg	57808
Glu	His	Ser	Asn	Tyr	Ala	Met	Asp	Arg	Phe	His	Gln	Phe	Glu	Gly	
tat 10160	aga	caa	agg	gat	ctt 10165	gac	act	aga	gca	tta 10170	ctg	gaa	cct	gca	57853
Tyr	Arg	Gln	Arg	Asp	Leu	Asp	Thr	Arg	Ala	Leu	Leu	Glu	Pro	Ala	
gcg 10175	cgg	aac	ttt	tta	gtc 10180	acg	cct	cat	tta	acg 10185	gtt	ggg	tgg	aac	57898
Ala	Arg	Asn	Phe	Leu	Val	Thr	Pro	His	Leu	Thr	Val	Gly	Trp	Asn	
tgg 10190	aag	cca	aaa	cga	acg 10195	gaa	gtt	tgt	tcg	ctt 10200	gtc	aag	tgg	cgt	57943
Trp	Lys	Pro	Lys	Arg	Thr	Glu	Val	Cys	Ser	Leu	Val	Lys	Trp	Arg	
gag 10205	gtt	gaa	gac	gta	gtt 10210	cgc	gat	gag	tat	gca 10215	cac	aat	ttt	cgc	57988
Glu	Val	Glu	Asp	Val	Val	Arg	Asp	Glu	Tyr	Ala	His	Asn	Phe	Arg	
ttt 10220	aca	atg	aaa	aca	ctt 10225	tct	acc	acg	ttt	ata 10230	agt	gaa	aca	aac	58033
Phe	Thr	Met	Lys	Thr	Leu	Ser	Thr	Thr	Phe	Ile	Ser	Glu	Thr	Asn	
gag 10235	ttt	aat	ctt	aac	caa 10240	atc	cat	ctc	agt	caa 10245	tgt	gta	aag	gag	58078
Glu	Phe	Asn	Leu	Asn	Gln	Ile	His	Leu	Ser	Gln	Cys	Val	Lys	Glu	
gaa 10250	gcc	cgg	gct	att	att 10255	aac	cgg	atc	tat	aca 10260	acc	aga	tac	aac	58123
Glu	Ala	Arg	Ala	Ile	Ile	Asn	Arg	Ile	Tyr	Thr	Thr	Arg	Tyr	Asn	
tca 10265	tct	cat	gtt	aga	acc 10270	ggg	gat	atc	cag	acc 10275	tac	ctt	gcc	aga	58168
Ser	Ser	His	Val	Arg	Thr	Gly	Asp	Ile	Gln	Thr	Tyr	Leu	Ala	Arg	
ggg 10280	ggg	ttt	gtt	gtg	gtg 10285	ttt	caa	ccc	ctg	ctg 10290	agc	aat	tcc	ctc	58213
Gly	Gly	Phe	Val	Val	Val	Phe	Gln	Pro	Leu	Leu	Ser	Asn	Ser	Leu	
gcc 10295	cgt	ctc	tat	ctc	caa 10300	gaa	ttg	gtc	cgt	gaa 10305	aac	act	aat	cat	58258
Ala	Arg	Leu	Tyr	Leu	Gln	Glu	Leu	Val	Arg	Glu	Asn	Thr	Asn	His	

tca cca caa aaa cac ccg act cga aat acc aga tcc cga cga agc 58303
 Ser Pro Gln Lys His Pro Thr Arg Asn Thr Arg Ser Arg Arg Ser
 10310 10315 10320

gtg cca gtt gag ttg cgt gcc aat aga aca ata aca acc acc tca 58348
 Val Pro Val Glu Leu Arg Ala Asn Arg Thr Ile Thr Thr Thr Ser
 10325 10330 10335

tcg gtg gaa ttt gct atg ctc cag ttt aca tat gac cac att caa 58393
 Ser Val Glu Phe Ala Met Leu Gln Phe Thr Tyr Asp His Ile Gln
 10340 10345 10350

gag cat gtt aat gaa atg ttg gca cgt atc tcc tcg tcg tgg tgc 58438
 Glu His Val Asn Glu Met Leu Ala Arg Ile Ser Ser Ser Trp Cys
 10355 10360 10365

cag cta caa aat cgc gaa cgc gcc ctt tgg agc gga cta ttt cca 58483
 Gln Leu Gln Asn Arg Glu Arg Ala Leu Trp Ser Gly Leu Phe Pro
 10370 10375 10380

att aac cca agt gct tta gcg agc acc att ttg gat caa cgt gtt 58528
 Ile Asn Pro Ser Ala Leu Ala Ser Thr Ile Leu Asp Gln Arg Val
 10385 10390 10395

aaa gct cgt att ctc ggc gac gtt atc tcc gtt tct aat tgt cca 58573
 Lys Ala Arg Ile Leu Gly Asp Val Ile Ser Val Ser Asn Cys Pro
 10400 10405 10410

gaa ctg gga tca gat aca cgc att ata ctt caa aac tct atg agg 58618
 Glu Leu Gly Ser Asp Thr Arg Ile Ile Leu Gln Asn Ser Met Arg
 10415 10420 10425

gta tct ggt agt act acg cgt tgt tat agc cgt cct tta att tca 58663
 Val Ser Gly Ser Thr Thr Arg Cys Tyr Ser Arg Pro Leu Ile Ser
 10430 10435 10440

ata gtt agt tta aat ggg tcc ggg acg gtg gag ggc cag ctt gga 58708
 Ile Val Ser Leu Asn Gly Ser Gly Thr Val Glu Gly Gln Leu Gly
 10445 10450 10455

aca gat aac gag tta att atg tcc aga gat ctg tta gaa cca tgc 58753
 Thr Asp Asn Glu Leu Ile Met Ser Arg Asp Leu Leu Glu Pro Cys
 10460 10465 10470

gtg gct aat cac aag cga tat ttt cta ttt ggg cat cac tac gta 58798
 Val Ala Asn His Lys Arg Tyr Phe Leu Phe Gly His His Tyr Val
 10475 10480 10485

tat tat gag gat tat cgt tac gtc cgt gaa atc gca gtc cat gat 58843

Tyr 10490	Tyr	Glu	Asp	Tyr	Arg 10495	Tyr	Val	Arg	Glu	Ile 10500	Ala	Val	His	Asp	
gtg	gga	atg	att	agc	act	tac	gta	gat	tta	aac	tta	aca	ctt	ctt	58888
Val 10505	Gly	Met	Ile	Ser	Thr 10510	Tyr	Val	Asp	Leu	Asn 10515	Leu	Thr	Leu	Leu	
aaa	gat	aga	gag	ttt	atg	ccg	ctg	caa	gta	tat	aca	aga	gac	gag	58933
Lys 10520	Asp	Arg	Glu	Phe	Met 10525	Pro	Leu	Gln	Val	Tyr 10530	Thr	Arg	Asp	Glu	
ctg	cgg	gat	aca	gga	tta	cta	gac	tac	agt	gaa	att	caa	cgc	cga	58978
Leu 10535	Arg	Asp	Thr	Gly	Leu 10540	Leu	Asp	Tyr	Ser	Glu 10545	Ile	Gln	Arg	Arg	
aat	caa	atg	cat	tgc	ctg	cgt	ttt	tat	gac	ata	gac	aag	gtt	gtg	59023
Asn 10550	Gln	Met	His	Ser	Leu 10555	Arg	Phe	Tyr	Asp	Ile 10560	Asp	Lys	Val	Val	
caa	tat	gat	agc	gga	acg	gcc	att	atg	cag	ggc	atg	gct	cag	ttt	59068
Gln 10565	Tyr	Asp	Ser	Gly	Thr 10570	Ala	Ile	Met	Gln	Gly 10575	Met	Ala	Gln	Phe	
ttc	cag	gga	ctt	ggg	acc	gcg	ggc	cag	gcc	gtt	gga	cat	gtg	gtt	59113
Phe 10580	Gln	Gly	Leu	Gly	Thr 10585	Ala	Gly	Gln	Ala	Val 10590	Gly	His	Val	Val	
ctt	ggg	gcc	acg	gga	gcg	ctg	ctt	tcc	acc	gta	cac	gga	ttt	acc	59158
Leu 10595	Gly	Ala	Thr	Gly	Ala 10600	Leu	Leu	Ser	Thr	Val 10605	His	Gly	Phe	Thr	
acg	ttt	tta	tct	aac	cca	ttt	ggg	gca	ttg	gcc	gtg	gga	tta	ttg	59203
Thr 10610	Phe	Leu	Ser	Asn	Pro 10615	Phe	Gly	Ala	Leu	Ala 10620	Val	Gly	Leu	Leu	
gtt	ttg	gcg	gga	ctg	gta	gcg	gcc	ttt	ttt	gcg	tac	cgg	tac	gtg	59248
Val 10625	Leu	Ala	Gly	Leu	Val 10630	Ala	Ala	Phe	Phe	Ala 10635	Tyr	Arg	Tyr	Val	
ctt	aaa	ctt	aaa	aca	agc	ccg	atg	aag	gca	tta	tat	cca	ctc	aca	59293
Leu 10640	Lys	Leu	Lys	Thr	Ser 10645	Pro	Met	Lys	Ala	Leu 10650	Tyr	Pro	Leu	Thr	
acc	aag	ggg	tta	aaa	cag	tta	ccg	gaa	gga	atg	gat	ccc	ttt	gcc	59338
Thr 10655	Lys	Gly	Leu	Lys	Gln 10660	Leu	Pro	Glu	Gly	Met 10665	Asp	Pro	Phe	Ala	
gag	aaa	ccc	aac	gct	act	gat	acc	cca	ata	gaa	gaa	att	ggc	gac	59383
Glu 10670	Lys	Pro	Asn	Ala	Thr 10675	Asp	Thr	Pro	Ile	Glu 10680	Glu	Ile	Gly	Asp	

tca caa aac act gaa ccg tcg gta aat agc ggg ttt gat ccc gat 59428
 Ser Gln Asn Thr Glu Pro Ser Val Asn Ser Gly Phe Asp Pro Asp
 10685 10690 10695

aaa ttt cga gaa gcc cag gaa atg att aaa tat atg acg tta gta 59473
 Lys Phe Arg Glu Ala Gln Glu Met Ile Lys Tyr Met Thr Leu Val
 10700 10705 10710

tct gcg gct gag cgc caa gaa tct aaa gcc cgc aaa aaa aat aag 59518
 Ser Ala Ala Glu Arg Gln Glu Ser Lys Ala Arg Lys Lys Asn Lys
 10715 10720 10725

act agc gcc ctt tta act tca cgt ctt acc ggc ctt gct tta cga 59563
 Thr Ser Ala Leu Leu Thr Ser Arg Leu Thr Gly Leu Ala Leu Arg
 10730 10735 10740

aat cgc cga gga tac tcc cgt gtt cgc acc gag aat gta acg ggg 59608
 Asn Arg Arg Gly Tyr Ser Arg Val Arg Thr Glu Asn Val Thr Gly
 10745 10750 10755

gtg taa atagccaggg ggtttgtttt aatttattaa taaaaatgtg tattacgtta 59664
 Val
 10760

ctcatgtgtc tccattacgc atcacagggg gtattttatac ccgataatat acaaaacgcg 59724

ttttgtacct ctaccgcacc cgatatctta acgggggttat t atg gaa tcg tct 59777
 Met Glu Ser Ser

aac att aac gcg cta caa caa ccg tcg tct atc gca cat cat ccg 59822
 Asn Ile Asn Ala Leu Gln Gln Pro Ser Ser Ile Ala His His Pro
 10765 10770 10775

tcc aaa cag tgc gct tca agt ctc aat gaa aca gta aaa gat tct 59867
 Ser Lys Gln Cys Ala Ser Ser Leu Asn Glu Thr Val Lys Asp Ser
 10780 10785 10790

ccc ccc gcg att tat gaa gat agg tta gaa cac acg ccg gta caa 59912
 Pro Pro Ala Ile Tyr Glu Asp Arg Leu Glu His Thr Pro Val Gln
 10795 10800 10805

tta ccc cgc gac ggt aca ccc cga gac gta tgt tct gtg gga cag 59957
 Leu Pro Arg Asp Gly Thr Pro Arg Asp Val Cys Ser Val Gly Gln
 10810 10815 10820

cta acc tgt cga gca tgt gca acg aaa cct ttt cgc ctt aac cgc 60002
 Leu Thr Cys Arg Ala Cys Ala Thr Lys Pro Phe Arg Leu Asn Arg
 10825 10830 10835

gac	agc	caa	tac	gac	tac	tta	aac	aca	tgt	cca	ggg	ggc	cgt	cat	60047
Asp	Ser	Gln	Tyr	Asp	Tyr	Leu	Asn	Thr	Cys	Pro	Gly	Gly	Arg	His	
10840					10845					10850					
att	tca	ctg	gca	ctg	gag	att	ata	acg	ggt	cga	tgg	gtt	tgc	atc	60092
Ile	Ser	Leu	Ala	Leu	Glu	Ile	Ile	Thr	Gly	Arg	Trp	Val	Cys	Ile	
10855					10860					10865					
ccg	cgt	gtg	ttt	ccg	gat	acc	cca	gag	gaa	aaa	tgg	atg	gcg	cca	60137
Pro	Arg	Val	Phe	Pro	Asp	Thr	Pro	Glu	Glu	Lys	Trp	Met	Ala	Pro	
10870					10875					10880					
tat	att	att	cca	gac	cga	gaa	caa	cca	tca	tca	ggg	gat	gaa	gat	60182
Tyr	Ile	Ile	Pro	Asp	Arg	Glu	Gln	Pro	Ser	Ser	Gly	Asp	Glu	Asp	
10885					10890					10895					
tct	gac	acc	gat	taa	atttaactta	aataaaacct	taccacccat	aaaaacgcct							60237
Ser	Asp	Thr	Asp												
10900															
tctgtttgtt	taacacgaca	ccgcttaaca	aaaaaaaaaa	aaccaaacac	gccttttatg										60297
aatgtaatac	ttttatttgt	tggttaacac	cgccccacca	tcattctgatt	tgcaaacata										60357
tcggcgtcgt	ctgccgtgga	cccctgtatt	aaaggggcct	tggaactcgc	ctccactgca										60417
tttacatctt	gtccaactgt	atctgtatgt	gggggtgcttg	ttgtattttg	ggatgagcat										60477
agacccgaaa	cgctttgaag	ctgttttaat	aaaatcgata	ttcgaggatc	ccgtgtcccc										60537
tctggtatat	ttgtatgggtg	cgacaaaggc	atttgtgtcc	cattttgtga	tttagctct										60597
gtaacctcct	gttgacgttt	tgccacaacc	ccagcaagct	cttcgtgctg	accattagaa										60657
actctgtgtc	tcctctgcca	atatgatgga	gaaactcgac	gtctccgatg	cgttatatac										60717
gttggttcac	cgggaaaata	tatatattgag	ggaaactctc	cgtccatttg	agactcccca										60777
ctataaaaag	aatccaattc	cctttgatcc	atgctcttga	aatcccgttt	tcctggacga										60837
cggacatcgg	ttttgtctgg	aaaatttaca	cacgggggtct	gcaagtcaat	accccgttcg										60897
gcggccaatg	cgttcataaa	tgcggacatt	tgcatittcca	aacgattggg	tggtggatat										60957
cccggaaacc	cgtacgggtcc	cccgaagtgt	cccggagggc	aaccataacc	ccctgtatta										61017
ggtgggaagg	caggcgggtg	tgagatcca	tatggcccga	cgatatactg	tccgttatatt										61077
ggagctccaa	ttgataacctg	cggatttttta	gtctgcccgg	ttaacagctg	tgaataatac										61137

gcggtaggta tcagtacaaa ttcccctccg gttggaacgc ccgacggggg ctgtggtgag 61197
atattactag cgttacctgc tacagaagcc atatcgctgt cgttcctaca caactgcgta 61257
acctttaaat gcggaacagt cttttcacia tcttcatttg attccccaac acccaacgcg 61317
agatcgtata tgggcccgcg ggggtggaat gtggcggtta taacaccgcg gttgggtaat 61377
ttagactcca cccattaac gttggttatc cgagcaagtc catatccggt gctagcctga 61437
agataaacgt gaccataat tccggcttcg cgtctacgtt ttgcaaccac gtcccatcta 61497
tctcttaaaa gcatattgtt cacggctgtg gataataaca ctttggcgag tttatcttcg 61557
ctaaccctcc atactttatt taaaccgcg tagtctttaa ccagcgacaa taaccgcgct 61617
ttactttcca tcgataaac ccggaatggt tcaattgaag attccggggg acagtcataa 61677
ttgaccactg ttccaacgcg tcttccaaca acacataacg caacatgggt aaaaaatta 61737
ccgtctggta tctcattcgg ggacaatcgt tttgaagaca gggatacga gggtaagtaa 61797
tttgtgacca agtataacgc acgttctagc ggagataata cagaatctct atttccaaaa 61857
aaattcgaat gggccgcttc aaacagcacc gcatgtagtt gagggcatct aacgataccc 61917
aaaaaaaaag gtccgcgtat gtcctcaatg attgcgatta cttcaccac gacacagtct 61977
tttcgatgat cgatgtttat tggatattta ctagtaggcg gcaaagcgga ccgcacaatc 62037
tctggggtaa tatttaattc cccttcgtcc tttgaatata aggctaaata ccagccacg 62097
tataacgctt cacagttctc ttcgtcagct tcagcagcca ttataaacac ccacggacc 62157
ggatagtga tactcacggt gtggaggcaa actgaggaat gacacccaaa cagacaaaat 62217
atagaagatc atagtcactg ttaacgttga actgcgcaag gcggcgactt tcttccaatg 62277
ccgcccttac acgcggttgg tgcattaaca ttccaagtcc ccgttcatat tgcaacataa 62337
cactgtcatg tattgatacc acggcggcta tgggtaggga tgtaacattt tgtcggcggt 62397
gttctaattc caatgcaatt aagcttatga gccgatcttg gtactgtcca gaagaaatat 62457
ctattacggt tcttcctaaa cttccacgac taagctgggt atgcgcgtct aaacaaagag 62517
caactaatcc aggaacatt tcagtcagct ctgtgggtccg atttaacgta tacagtgggtg 62577
ctatatatcg ttacataaaa aattgaaagt tattattacc gcttttaaac ttcccatcaa 62637

accccgctcgc tccgcgcaag attacattgt tggtaggggt tcctgttgct tctgacacaa 62697
tcaaaccag ttgaaaatta ttttttagtt tatctccgta tacgttcccg ttccataata 62757
agcgccttaa taataataac gccgtaatcg tgtcaattgt taaccttaat agagtttggt 62817
cttccataag aaacacgttt tgggcccgtt ctaaatacgc cgcgcccgcc tgttgaatct 62877
tgtccacata tgcggtatga ttgcgatcaa taatgtcatt aaccccagga ttaaactgtc 62937
caggtgcagg cggtaggacc tgcaaccgta taagcgcatt cataacagaa tgtgacgtta 62997
aggcgccttg atcataccgc cccccagag catgaaactg gtcgcgtggg agacgatcat 63057
agcaaaattg ataactgttt ttattttcgt gtgttgatcat ataattcaca aatgtctcag 63117
tatattccgg taggtgctct ataaggttcc cgaaggacga aacttgaggt tcgtggacac 63177
tattagatgt cctatacatt aatataaac ataataccgc acactcgaac gcggagtacg 63237
ctctatctcc aacatacatt ctcccggcgg actgtagaca tgttaccgtt gtgttcataa 63297
acgtacggga aatgcgcccg tctttacaat caactccgcg tgcagctacg ggcctatcta 63357
acacaagccg ttcctgcaga gtacgatacc atggcccgaa aacaatccct ggagagttat 63417
tgccccttgc ccttccaag tacaccaggg tgataaaatc cacttgaaag tttgtatcgt 63477
actgcaacgg tgcattcat tggcaatct gtacctcggg gtgtatagac tcattgcgta 63537
ttatttctgt acgtgtacat tcctcagatt gtgcatctgc ttcttccgcc tcggcagcag 63597
ccgtctccag ggaatccaaa acctggcca tgcgcgttag ttgttcttcg aggggcttta 63657
aacgacgac tatttccgtt ggtaacgtaa tcgtttcccc gcgaagggtg tctaatgcgg 63717
caacggccgc cgcatttttt aacgttaacg tatttttttc caaatcgga ttcatacgcc 63777
ctcttaactc aaacgcggga gccgtccagt agtgtatggg gaagttgggg gctataaagt 63837
tcttagtggt agacaaaaat atcccacatt tattcggaaa cgagatagat ccgaacccat 63897
atctcgccgt catggtgtct gcagcaaaca aagtcaactg gcgtgaatat aaaccggtac 63957
tgctttaaaa gctgttttct taccatggg aaaacatccc gggtatactt tgtaaaattc 64017
caccacaagc acctaaagaa ggccttctaa ggggtaaatc caccacaaa gctgcatttt 64077
cttcaaactt tgttaaagcg gaacgatggc atgatttcgc acgttttttc gcaagagaac 64137

atacgtgaat tttctttttg catagacgtc ttcgtctctt aacggacctt atcggggggg 64197
 tatattccgc tacattctcc aaatgcgacg ctagcataac aaggtttcca tgaatcacct 64257
 ttggggggtaa ccgagttacc tgtaacaggt tcagacccccg ttgagatata aacacaagga 64317
 ggggggtcac cattatttca tcagatccccg tgggtgtggt ttcctttatt aaagccatgg 64377
 tatccctcag ctggcgcata ccctcgcaaa actgggtgata cttagtaggg gtatgtatat 64437
 tagcgctaaa acggcaagat ttttaattcca ctataaaaca aacgggtcttt ccggcaccac 64497
 tggattccgt ttgtataata caaacacaat cggggcgctcg gcgtcccaaa tttacttcaa 64557
 acgacattga tatgcgtaga gccctttgaa catccacgtg ggataacggc gacaggagtt 64617
 ttgccagcct cgggttgaac gcgtccgcga aacctcgacg tacgttatca atatcctttt 64677
 tgagtacatc gtaaaaacga gtgtggcaac gttgtcccaa acgaaaacac ttggcccga 64737
 ttcgactagc ggacatatit gaagttccgt cccagaagat aacctaagac gcgtttgtct 64797
 acaataaac atg tca acg gat aaa acc gat gta aaa atg ggc gtt 64842
 Met Ser Thr Asp Lys Thr Asp Val Lys Met Gly Val
 10905 10910 10915
 ttg cgt att tat ttg gac ggg gcg tat gga att gga aaa aca acc 64887
 Leu Arg Ile Tyr Leu Asp Gly Ala Tyr Gly Ile Gly Lys Thr Thr
 10920 10925 10930
 gcc gcc gaa gaa ttt tta cac cac ttt gca ata aca cca aac cgg 64932
 Ala Ala Glu Glu Phe Leu His His Phe Ala Ile Thr Pro Asn Arg
 10935 10940 10945
 atc tta ctc att ggg gag ccc ctg tcg tat tgg cgt aac ctt gca 64977
 Ile Leu Leu Ile Gly Glu Pro Leu Ser Tyr Trp Arg Asn Leu Ala
 10950 10955 10960
 ggg gag gac gcc att tgc gga att tac gga aca caa act cgc cgt 65022
 Gly Glu Asp Ala Ile Cys Gly Ile Tyr Gly Thr Gln Thr Arg Arg
 10965 10970 10975
 ctt aat gga gac gtt tcg cct gaa gac gca caa cgc ctc acg gct 65067
 Leu Asn Gly Asp Val Ser Pro Glu Asp Ala Gln Arg Leu Thr Ala
 10980 10985 10990
 cat ttt cag agc ctg ttc tgt tct ccg cat gca att atg cat gcg 65112
 His Phe Gln Ser Leu Phe Cys Ser Pro His Ala Ile Met His Ala
 10995 11000 11005

aaa atc tcg gca ttg	atg gac aca agt aca	tcg gat ctc gta caa	65157
Lys Ile Ser Ala Leu	Met Asp Thr Ser Thr	Ser Asp Leu Val Gln	
11010	11015	11020	
gta aat aag gag ccg	tat aaa att atg tta	tcc gac cga cac cca	65202
Val Asn Lys Glu Pro	Tyr Lys Ile Met Leu	Ser Asp Arg His Pro	
11025	11030	11035	
atc gcc tca act ata	tgt ttt ccc ttg tcc	aga tac tta gtg gga	65247
Ile Ala Ser Thr Ile	Cys Phe Pro Leu Ser	Arg Tyr Leu Val Gly	
11040	11045	11050	
gat atg tcc cca gcg	gcg ctt cct ggg tta	ttg ttt acg ctt ccc	65292
Asp Met Ser Pro Ala	Ala Leu Pro Gly Leu	Leu Phe Thr Leu Pro	
11055	11060	11065	
gct gaa ccc ccc ggg	acc aac ttg gta gtt	tgt acc gtt tca ctc	65337
Ala Glu Pro Pro Gly	Thr Asn Leu Val Val	Cys Thr Val Ser Leu	
11070	11075	11080	
ccc agt cat tta tcc	aga gta agc aaa cgg	gcc aga ccg gga gaa	65382
Pro Ser His Leu Ser	Arg Val Ser Lys Arg	Ala Arg Pro Gly Glu	
11085	11090	11095	
acg gtt aat ctg ccg	ttt gtt atg gtt ctg	aga aat gta tat ata	65427
Thr Val Asn Leu Pro	Phe Val Met Val Leu	Arg Asn Val Tyr Ile	
11100	11105	11110	
atg ctt att aat aca	att ata ttt ctt aaa	act aac aac tgg cac	65472
Met Leu Ile Asn Thr	Ile Ile Phe Leu Lys	Thr Asn Asn Trp His	
11115	11120	11125	
gcg ggc tgg aac aca	ctg tca ttt tgt aat	gat gta ttt aaa cag	65517
Ala Gly Trp Asn Thr	Leu Ser Phe Cys Asn	Asp Val Phe Lys Gln	
11130	11135	11140	
aaa tta caa aaa tcc	gag tgt ata aaa cta	cgc gaa gta cct ggg	65562
Lys Leu Gln Lys Ser	Glu Cys Ile Lys Leu	Arg Glu Val Pro Gly	
11145	11150	11155	
att gaa gac acg tta	ttc gcc gtg ctt aaa	ctt ccg gag ctt tgc	65607
Ile Glu Asp Thr Leu	Phe Ala Val Leu Lys	Leu Pro Glu Leu Cys	
11160	11165	11170	
gga gag ttt gga aat	att ctg ccg tta tgg	gca tgg gga atg gag	65652
Gly Glu Phe Gly Asn	Ile Leu Pro Leu Trp	Ala Trp Gly Met Glu	
11175	11180	11185	
acc ctt tca aac tgc	tca cga agc atg tct	ccg ttc gta tta tcg	65697

Thr	Leu	Ser	Asn	Cys	Ser	Arg	Ser	Met	Ser	Pro	Phe	Val	Leu	Ser		
				11190					11195					11200		
tta	gaa	cag	aca	ccc	cag	cat	gcg	gca	caa	gaa	cta	aaa	act	ctg	65742	
Leu	Glu	Gln	Thr	Pro	Gln	His	Ala	Ala	Gln	Glu	Leu	Lys	Thr	Leu		
				11205					11210					11215		
cta	ccc	cag	atg	acc	ccg	gca	aac	atg	tcc	tcc	ggg	gca	tgg	aat	65787	
Leu	Pro	Gln	Met	Thr	Pro	Ala	Asn	Met	Ser	Ser	Gly	Ala	Trp	Asn		
				11220					11225					11230		
ata	ttg	aaa	gag	ctt	gtt	aat	gcc	gtt	cag	gac	aac	act	tcc	taa	65832	
Ile	Leu	Lys	Glu	Leu	Val	Asn	Ala	Val	Gln	Asp	Asn	Thr	Ser			
				11235					11240							
atatacctag	tatttacgta	tgtaccagta	aaaagatgat	acacattgtc	atactcgcgt	65892										
gtacgtgttt	ttctttttta	tatatgcgtc	atttattacc	acatccttta	atcccgctt	65952										
tatctcccta	aaacggagtg	gtaatattaa	aagccgcca	gcctgttggt	gggtgaggag	66012										
gggtaaaggc	acgctgtgtg	cataacgttg	cggtgatatt	gtagcgcaag	taacagcgac	66072										
t atg	ttt	gcg	cta	gtt	tta	gcg	gtg	gta	att	ctt	cct	ctt	tgg	66115		
Met	Phe	Ala	Leu	Val	Leu	Ala	Val	Val	Ile	Leu	Pro	Leu	Trp			
11245					11250						11255					
acc	acg	gct	aat	aaa	tct	tac	gta	aca	cca	acc	cct	gcg	act	cgc	66160	
Thr	Thr	Ala	Asn	Lys	Ser	Tyr	Val	Thr	Pro	Thr	Pro	Ala	Thr	Arg		
	11260					11265					11270					
tct	atc	gga	cat	atg	tct	gct	ctt	cta	cga	gaa	tat	tcc	gac	cgt	66205	
Ser	Ile	Gly	His	Met	Ser	Ala	Leu	Leu	Arg	Glu	Tyr	Ser	Asp	Arg		
	11275					11280					11285					
aat	atg	tct	ctg	aaa	tta	gaa	gcc	ttt	tat	cct	act	ggg	ttc	gat	66250	
Asn	Met	Ser	Leu	Lys	Leu	Glu	Ala	Phe	Tyr	Pro	Thr	Gly	Phe	Asp		
	11290					11295					11300					
gaa	gaa	ctc	att	aaa	tca	ctt	cac	tgg	gga	aat	gat	aga	aaa	cac	66295	
Glu	Glu	Leu	Ile	Lys	Ser	Leu	His	Trp	Gly	Asn	Asp	Arg	Lys	His		
	11305					11310					11315					
gtt	ttc	ttg	gtt	att	gtt	aag	gtt	aac	cct	aca	aca	cac	gaa	gga	66340	
Val	Phe	Leu	Val	Ile	Val	Lys	Val	Asn	Pro	Thr	Thr	His	Glu	Gly		
	11320					11325					11330					
gac	gtc	ggg	ctg	gtt	ata	ttt	cca	aaa	tac	ttg	tta	tcg	cca	tac	66385	
Asp	Val	Gly	Leu	Val	Ile	Phe	Pro	Lys	Tyr	Leu	Leu	Ser	Pro	Tyr		
	11335					11340					11345					

cat ttc His Phe 11350	aaa gca gaa cat cga Lys Ala Glu His Arg 11355	gca ccg ttt cct gct Ala Pro Phe Pro Ala 11360	gga cgt ttt Gly Arg Phe	66430
gga ttt Gly Phe 11365	ctt agt cac cct gtg Leu Ser His Pro Val 11370	aca ccc gac gtg agc Thr Pro Asp Val Ser 11375	ttc ttt gac Phe Phe Asp	66475
agt tcg Ser Ser 11380	ttt gcg ccg tat tta Phe Ala Pro Tyr Leu 11385	act acg caa cat ctt Thr Thr Gln His Leu 11390	gtt gcg ttt Val Ala Phe	66520
act acg Thr Thr 11395	ttc cca cca aac ccc Phe Pro Pro Asn Pro 11400	ctt gta tgg cat ttg Leu Val Trp His Leu 11405	gaa aga gct Glu Arg Ala	66565
gag acc Glu Thr 11410	gca gca act gca gaa Ala Ala Thr Ala Glu 11415	agg ccg ttt ggg gta Arg Pro Phe Gly Val 11420	agt ctt tta Ser Leu Leu	66610
ccc gct Pro Ala 11425	cgc cca aca gtc ccc Arg Pro Thr Val Pro 11430	aag aat act att ctg Lys Asn Thr Ile Leu 11435	gaa cat aaa Glu His Lys	66655
gcg cat Ala His 11440	ttt gct aca tgg gat Phe Ala Thr Trp Asp 11445	gcc ctt gcc cga cat Ala Leu Ala Arg His 11450	act ttt ttt Thr Phe Phe	66700
tct gcc Ser Ala 11455	gaa gca att atc acc Glu Ala Ile Ile Thr 11460	aac tca acg ttg aga Asn Ser Thr Leu Arg 11465	ata cac gtt Ile His Val	66745
ccc ctt Pro Leu 11470	ttt ggg tcg gta tgg Phe Gly Ser Val Trp 11475	cca att cga tac tgg Pro Ile Arg Tyr Trp 11480	gcc acc ggt Ala Thr Gly	66790
tcg gtg Ser Val 11485	ctt ctc aca agc gac Leu Leu Thr Ser Asp 11490	tcg ggt cgt gtg gaa Ser Gly Arg Val Glu 11495	gta aat att Val Asn Ile	66835
ggt gta Gly Val 11500	gga ttt atg agc tcg Gly Phe Met Ser Ser 11505	ctc att tct tta tcc Leu Ile Ser Leu Ser 11510	tct gga cca Ser Gly Pro	66880
ccg ata Pro Ile 11515	gaa tta att gtt gta Glu Leu Ile Val Val 11520	cca cat aca gta aaa Pro His Thr Val Lys 11525	ctg aac gcg Leu Asn Ala	66925
gtt aca 11530	agc gac acc aca tgg 11535	ttc cag cta aat cca 11540	ccg ggt ccg 11545	66970

Val Thr 11530	Ser Asp Thr Thr Trp 11535	Phe Gln Leu Asn Pro 11540	Pro Gly Pro	
gat ccg Asp Pro 11545	ggg cca tct tat cga Gly Pro Ser Tyr Arg 11550	gtt tat tta ctt gga Val Tyr Leu Leu Gly 11555	cgt ggg ttg Arg Gly Leu	67015
gat atg Asp Met 11560	aat ttt tca aag cat Asn Phe Ser Lys His 11565	gct acg gtc gat ata Ala Thr Val Asp Ile 11570	tgc gca tat Cys Ala Tyr	67060
ccc gaa Pro Glu 11575	gag agt ttg gat tac Glu Ser Leu Asp Tyr 11580	cgc tat cat tta tcc Arg Tyr His Leu Ser 11585	atg gcc cac Met Ala His	67105
acg gag Thr Glu 11590	gct ctg cgg atg aca Ala Leu Arg Met Thr 11595	acg aag gcg gat caa Thr Lys Ala Asp Gln 11600	cat gac ata His Asp Ile	67150
aac gag Asn Glu 11605	gaa agc tat tac cat Glu Ser Tyr Tyr His 11610	atc gcc gca aga ata Ile Ala Ala Arg Ile 11615	gcc aca tca Ala Thr Ser	67195
att ttt Ile Phe 11620	gcg ttg tcg gaa atg Ala Leu Ser Glu Met 11625	ggc cgt acc aca gaa Gly Arg Thr Thr Glu 11630	tat ttt ctg Tyr Phe Leu	67240
tta gat Leu Asp 11635	gag atc gta gat gtt Glu Ile Val Asp Val 11640	cag tat caa tta aaa Gln Tyr Gln Leu Lys 11645	ttc ctt aat Phe Leu Asn	67285
tac att Tyr Ile 11650	tta atg cgg ata gga Leu Met Arg Ile Gly 11655	gca gga gct cat ccc Ala Gly Ala His Pro 11660	aac act ata Asn Thr Ile	67330
tcc gga Ser Gly 11665	acc tcg gat ctg atc Thr Ser Asp Leu Ile 11670	ttt gcc gat cca tcg Phe Ala Asp Pro Ser 11675	cag ctt cat Gln Leu His	67375
gac gaa Asp Glu 11680	ctt tca ctt ctt ttt Leu Ser Leu Leu Phe 11685	ggt cag gta aaa ccc Gly Gln Val Lys Pro 11690	gca aat gtc Ala Asn Val	67420
gat tat Asp Tyr 11695	ttt att tca tat gat Phe Ile Ser Tyr Asp 11700	gaa gcc cgt gat caa Glu Ala Arg Asp Gln 11705	cta aag acc Leu Lys Thr	67465
gca tac Ala Tyr 11710	gcg ctt tcc cgt ggt Ala Leu Ser Arg Gly 11715	caa gac cat gtg aat Gln Asp His Val Asn 11720	gca ctt tct Ala Leu Ser	67510

ctc gcc	agg cgt gtt ata atg	agc ata tac aag ggg	ctg ctt gtg	67555
Leu Ala	Arg Arg Val Ile Met	Ser Ile Tyr Lys Gly	Leu Leu Val	
11725	11730	11735		
aag caa	aat tta aat gct aca	gag agg cag gct tta	ttt ttt gcc	67600
Lys Gln	Asn Leu Asn Ala Thr	Glu Arg Gln Ala Leu	Phe Phe Ala	
11740	11745	11750		
tca atg	att tta tta aat ttc	cgc gaa gga cta gaa	aat tca tct	67645
Ser Met	Ile Leu Leu Asn Phe	Arg Glu Gly Leu Glu	Asn Ser Ser	
11755	11760	11765		
cgg gta	tta gac ggt cgc aca	act ttg ctt tta atg	aca tcc atg	67690
Arg Val	Leu Asp Gly Arg Thr	Thr Leu Leu Leu Met	Thr Ser Met	
11770	11775	11780		
tgt acg	gca gct cac gcc acg	caa gca gca ctt aac	ata caa gaa	67735
Cys Thr	Ala Ala His Ala Thr	Gln Ala Ala Leu Asn	Ile Gln Glu	
11785	11790	11795		
ggc ctg	gca tac tta aat cct	tca aaa cac atg ttt	aca ata cca	67780
Gly Leu	Ala Tyr Leu Asn Pro	Ser Lys His Met Phe	Thr Ile Pro	
11800	11805	11810		
aac gta	tac agt cct tgt atg	ggc tcc ctt cgt aca	gac ctc acg	67825
Asn Val	Tyr Ser Pro Cys Met	Gly Ser Leu Arg Thr	Asp Leu Thr	
11815	11820	11825		
gaa gag	att cat gtt atg aat	ctc ctg tcg gca ata	cca aca cgc	67870
Glu Glu	Ile His Val Met Asn	Leu Leu Ser Ala Ile	Pro Thr Arg	
11830	11835	11840		
cca gga	ctt aac gag gta ttg	cat acc caa cta gac	gaa tct gaa	67915
Pro Gly	Leu Asn Glu Val Leu	His Thr Gln Leu Asp	Glu Ser Glu	
11845	11850	11855		
ata ttc	gac gcg gca ttt aaa	acc atg atg att ttt	acc aca tgg	67960
Ile Phe	Asp Ala Ala Phe Lys	Thr Met Met Ile Phe	Thr Thr Trp	
11860	11865	11870		
act gcc	aaa gat ttg cat ata	ctc cac acc cat gta	cca gaa gta	68005
Thr Ala	Lys Asp Leu His Ile	Leu His Thr His Val	Pro Glu Val	
11875	11880	11885		
ttt acg	tgt caa gat gca gcc	gcg cgt aac gga gaa	tat gtg ctc	68050
Phe Thr	Cys Gln Asp Ala Ala	Ala Arg Asn Gly Glu	Tyr Val Leu	
11890	11895	11900		
att ctt	cca gct gtc cag gga	cac agt tat gtg att	aca cga aac	68095

Ile Leu	Pro Ala Val	Gln Gly	His Ser Tyr Val	Ile Thr Arg Asn	
11905		11910		11915	
aaa cct	caa agg ggt ttg gta	tat tcc ctg gca gat	gtg gat gta	68140	
Lys Pro	Gln Arg Gly Leu Val	Tyr Ser Leu Ala Asp	Val Asp Val		
11920		11925	11930		
tat aac	ccc ata tcc gtt gtt	tat tta agc agg gat	act tgc gtg	68185	
Tyr Asn	Pro Ile Ser Val Val	Tyr Leu Ser Arg Asp	Thr Cys Val		
11935		11940	11945		
tct gaa	cat ggt gtc ata gag	acg gtc gca ctg ccc	cat ccg gac	68230	
Ser Glu	His Gly Val Ile Glu	Thr Val Ala Leu Pro	His Pro Asp		
11950		11955	11960		
aat tta	aaa gaa tgt ttg tat	tgc gga agt gtt ttt	ctt agg tat	68275	
Asn Leu	Lys Glu Cys Leu Tyr	Cys Gly Ser Val Phe	Leu Arg Tyr		
11965		11970	11975		
cta acc	acg ggg gcg att atg	gat ata att att att	gac agc aaa	68320	
Leu Thr	Thr Gly Ala Ile Met	Asp Ile Ile Ile Ile	Asp Ser Lys		
11980		11985	11990		
gat aca	gaa cga caa cta gcc	gct atg gga aac tcc	aca att cca	68365	
Asp Thr	Glu Arg Gln Leu Ala	Ala Met Gly Asn Ser	Thr Ile Pro		
11995		12000	12005		
ccc ttc	aat cca gac atg cac	ggg gat gac tct aag	gct gtg ttg	68410	
Pro Phe	Asn Pro Asp Met His	Gly Asp Asp Ser Lys	Ala Val Leu		
12010		12015	12020		
ttg ttt	cca aac gga act gtg	gta acg ctt cta gga	ttc gaa cga	68455	
Leu Phe	Pro Asn Gly Thr Val	Val Thr Leu Leu Gly	Phe Glu Arg		
12025		12030	12035		
cga caa	gcc ata cga atg tcg	gga caa tac ctt ggg	gcc tct tta	68500	
Arg Gln	Ala Ile Arg Met Ser	Gly Gln Tyr Leu Gly	Ala Ser Leu		
12040		12045	12050		
gga ggg	gcg ttt ctg gcg gta	gtg ggg ttt ggt att	atc gga tgg	68545	
Gly Gly	Ala Phe Leu Ala Val	Val Gly Phe Gly Ile	Ile Gly Trp		
12055		12060	12065		
atg tta	tgt gga aat tcc cgc	ctt cga gaa tat aat	aaa ata cct	68590	
Met Leu	Cys Gly Asn Ser Arg	Leu Arg Glu Tyr Asn	Lys Ile Pro		
12070		12075	12080		
ctg aca	tta aaaacatgta taataaaaag	tcactataaaa cgtattctct		68639	
Leu Thr					
12085					

acaatacttt attcggaat aatacacact accttgggt tttttcccg tccccaaatg 68699
gtgtttggtg cactctacca aaaaatagag cgcctaaata tgctatataa cgcctcccag 68759
caaaatacgg ttcaaaggca ttacccgata ttgtattgta gtacagggca atgggaattg 68819
atgatcccaa taaacggcat agacgcacag cgccgttata gcaggggtct ccagagtaca 68879
gggtatctaa gtaccgggat atctcact catgcctttc cgtgacagaa acatcaaccg 68939
gaacagtatc cgataaacca actcctgttt ttgcaaggcg taaaattcgc acaccttctt 68999
tttttgcaag atgtgacgtt tccttgtaac agggaagctg ggggagtggg aagaacaaca 69059
aagtttcagc caacgtgcc aataagccca ctccctcaa gaggtgttt gctgtatcca 69119
caatgggtccg tattaatct tgagcaactt gatccgtgtc atcatcactg ggtaacgcgt 69179
taacataact acgcgttaaa tcttcaataa cggcataaca attaaacgt tcccaccgag 69239
acagtatata ttgaacaatc acgaaccgtt gacaggacgt cagatcacgt ccgtaagcat 69299
gcccgaaaaa tggaagtcc ccccgttcgc catataccgc aacaactgca gtatatatcg 69359
tctcacgggc ttcattaagt tcactttcaa gtccaggcca tttctgggt ttaaataata 69419
cctcgtccgc aaaaaaac gcacatgata acgcgcggat acaatgagta gtggctttat 69479
ggcgaggatc ccaaatgtcc attaccggg ggatggctct aatctgtaca aagttactta 69539
gtgtaatatg atcggacttc ttacgccgtc taggctgttt ctcagaatac gggtcacccg 69599
aatcggcac atcatctgct ttacgtctt ccgtaaccac atcagcagcg cgccgactaa 69659
caattatact tgttttttca tcgtcgttac ttccgttaag cgcgtctcgt atctcgggcg 69719
tcccgtcgaa taatccactc actagctcct gcaaactttc tggttaactcc aacatacgca 69779
tataaccaa tgaaaaactg gcttcgtttg gtacgtacat aaagccattt gtggtattaa 69839
tggcgggtggg tgttggaac aattttagct tattctcgcg cgtaacatct acccccgcca 69899
ccaatgttaa atgcgtcacg gggagggaca cgagataatc tgcgagcgta gggtcctcca 69959
cttcaacatc aaatgttccg caaaggctgc gatccaccgc ccccgatccc gctgcaagta 70019
aggccactcg atccaaaaac acgcagttat tattggatga taccgccc atgttcccgg 70079
tgcgattgag ctcaattcga acgtaactgg caacagatct gtcaccgggt ccgacccgc 70139

gaacaacatg tccaaat ttt gcgatctcgc ctccatgttt gcggggtatg gaaattaagc 70199
 atcccccgca tataaaatac gccctggtag cacgctcggtt aaaataaaac gttacgccgt 70259
 tataagatac ggttgaatga tatggaaatt ccatattaaa gcgtttatcg gaacattaac 70319
 ctggaacttg ccgtcccgtg atcgtgtgat cgccaacctt aggtccacac cgaatatgag 70379
 aaatatataa ctacacgcaa acattcaaaa caccgtggta tcattaacgt catatgaaaa 70439
 gatccaatca atccaatcaa ccacacctcc taccgttttag cacgtcagct atgtgacatg 70499
 ctccaaacat acgtaaacat ttagagaggg tgttataaca gtctgtcagg cggggtatat 70559
 tctacataat acaaggatcg gctttaactt tgtcaacatt tttactttgg actataaact 70619
 gcgactgaac gtt atg aac cca ccc caa gcc cgc gtc tcg gaa cag 70665
 Met Asn Pro Pro Gln Ala Arg Val Ser Glu Gln
 12090 12095
 aca aag gac ttg ctt agc gtt atg gtt aac cag cac ccc gaa gag 70710
 Thr Lys Asp Leu Leu Ser Val Met Val Asn Gln His Pro Glu Glu
 12100 12105 12110
 gac gca aaa gtg tgt aaa tcc agt gat aat tca ccg ctt tat aac 70755
 Asp Ala Lys Val Cys Lys Ser Ser Asp Asn Ser Pro Leu Tyr Asn
 12115 12120 12125
 acc atg gtt atg tta tcg tat ggg ggt gat acg gac tta cta tta 70800
 Thr Met Val Met Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Thr Asp Leu Leu Leu
 12130 12135 12140
 agc tct gca tgt acc cgc aca tct acc gta aac agg tcg gcg ttt 70845
 Ser Ser Ala Cys Thr Arg Thr Ser Thr Val Asn Arg Ser Ala Phe
 12145 12150 12155
 acg caa cac tcc gtg ttt tat att ata tcc acg gtg ttg att caa 70890
 Thr Gln His Ser Val Phe Tyr Ile Ile Ser Thr Val Leu Ile Gln
 12160 12165 12170
 cca ata tgt tgt atc ttc ttt ttt ttt tac tat aaa gcg aca cgc 70935
 Pro Ile Cys Cys Ile Phe Phe Phe Phe Tyr Tyr Lys Ala Thr Arg
 12175 12180 12185
 tgt atg ctc tta ttc aca gcc ggg tta ctt ctg acg att cta cat 70980
 Cys Met Leu Leu Phe Thr Ala Gly Leu Leu Leu Thr Ile Leu His
 12190 12195 12200
 cac ttt cga ctt att att atg tta ttg tgt gtc tac aga aat ata 71025

His Phe Arg Leu 12205	Ile Ile Met Leu Leu 12210	Cys Val Tyr Arg Asn Ile 12215	
cga tca gac ctg Arg Ser Asp Leu 12220	cta ccc tta tct aca Leu Pro Leu Ser Thr 12225	tcc cag caa ctg ctg Ser Gln Gln Leu Leu 12230	ctt 71070 Leu
gga att att gtt Gly Ile Ile Val 12235	gtg act cga aca atg Val Thr Arg Thr Met 12240	cta ttt tgt att acg Leu Phe Cys Ile Thr 12245	gcg 71115 Ala
tat tat act ctt Tyr Tyr Thr Leu 12250	ttt ata gac acc cgg Phe Ile Asp Thr Arg 12255	gtg ttc ttt ttg att Val Phe Phe Leu Ile 12260	acc 71160 Thr
gga cac ttg caa Gly His Leu Gln 12265	agt gag gtt att ttt Ser Glu Val Ile Phe 12270	cca gat agc gtt tca Pro Asp Ser Val Ser 12275	aaa 71205 Lys
ata ctt cct gtg Ile Leu Pro Val 12280	tcg tgg ggt cca agt Ser Trp Gly Pro Ser 12285	cca gcc gtg tta ctg Pro Ala Val Leu Leu 12290	gta 71250 Val
atg gcg gca gtt Met Ala Ala Val 12295	att tac gct atg gac Ile Tyr Ala Met Asp 12300	tgt ttg gtg gac acg Cys Leu Val Asp Thr 12305	gta 71295 Val
tcc ttt att ggg Ser Phe Ile Gly 12310	cca agg gtg tgg gtc Pro Arg Val Trp Val 12315	cgt gtt atg tta aaa Arg Val Met Leu Lys 12320	aca 71340 Thr
tct att tcg ttt Ser Ile Ser Phe 12325	tag tccatttcaa taaatgtact 12325	ataattgttc agtctaaaaa 12325	71395
taatgttggg tatttataat 12335	taccgcccc gtgttacttg 12335	gaaacaccca tacatatgtt 12335	71455
ccactctaca tcaaacttct 12340	cgcagttttc ttgttcccg 12340	acacgtttac acgtccggat 12340	71515
tcaagtcgca acgctgctga 12345	caaa atg aca acg gtt tca Met Thr Thr Val Ser 12330	tgt ccc gct aac Cys Pro Ala Asn 12330	71566
gtg att act aca acg gaa Val Ile Thr Thr Thr Glu 12335	tct gat cgt att gct Ser Asp Arg Ile Ala 12340	ggg tta ttt aac Gly Leu Phe Asn 12345	71611
atc cca gcg ggg atc att Ile Pro Ala Gly Ile Ile 12350	cca act gga aat gtg Pro Thr Gly Asn Val 12355	ctg tca acc ata Leu Ser Thr Ile 12360	71656

gag	gtg	tgt	gca	cac	cgt	tgc	att	ttt	gat	ttt	ttt	aaa	caa	ata	71701
Glu	Val	Cys	Ala	His	Arg	Cys	Ile	Phe	Asp	Phe	Phe	Lys	Gln	Ile	
12365					12370					12375					
cga	tca	gat	gat	aac	agc	ctt	tac	tcg	gct	caa	ttc	gat	att	ctt	71746
Arg	Ser	Asp	Asp	Asn	Ser	Leu	Tyr	Ser	Ala	Gln	Phe	Asp	Ile	Leu	
12380					12385					12390					
ttg	ggg	aca	tac	tgc	aat	aca	tta	aac	ttt	gtg	cgt	ttt	cta	gaa	71791
Leu	Gly	Thr	Tyr	Cys	Asn	Thr	Leu	Asn	Phe	Val	Arg	Phe	Leu	Glu	
12395					12400					12405					
ctt	gga	ctg	tct	gtc	gct	tgc	atc	tgt	act	aaa	ttt	ccg	gag	ctg	71836
Leu	Gly	Leu	Ser	Val	Ala	Cys	Ile	Cys	Thr	Lys	Phe	Pro	Glu	Leu	
12410					12415					12420					
gct	tac	gtg	cga	gat	ggc	gtt	att	caa	ttt	gag	gta	caa	caa	ccc	71881
Ala	Tyr	Val	Arg	Asp	Gly	Val	Ile	Gln	Phe	Glu	Val	Gln	Gln	Pro	
12425					12430					12435					
atg	ata	gca	cgt	gat	ggc	cca	cat	ccc	gtc	gat	cag	cct	gtt	cat	71926
Met	Ile	Ala	Arg	Asp	Gly	Pro	His	Pro	Val	Asp	Gln	Pro	Val	His	
12440					12445					12450					
aat	tat	atg	gtt	aag	cgg	ata	cac	aag	cgt	tcg	tta	agc	gct	gcg	71971
Asn	Tyr	Met	Val	Lys	Arg	Ile	His	Lys	Arg	Ser	Leu	Ser	Ala	Ala	
12455					12460					12465					
ttt	gca	att	gca	tcg	gaa	gcg	ttg	agt	ttg	tta	agt	aac	aca	tat	72016
Phe	Ala	Ile	Ala	Ser	Glu	Ala	Leu	Ser	Leu	Leu	Ser	Asn	Thr	Tyr	
12470					12475					12480					
gtc	gat	ggg	aca	gag	att	gac	tca	tcg	tta	cgt	ata	aga	gct	atc	72061
Val	Asp	Gly	Thr	Glu	Ile	Asp	Ser	Ser	Leu	Arg	Ile	Arg	Ala	Ile	
12485					12490					12495					
caa	cag	atg	gct	cgt	aat	tta	cgc	acc	gtt	ttg	gac	tca	ttt	gaa	72106
Gln	Gln	Met	Ala	Arg	Asn	Leu	Arg	Thr	Val	Leu	Asp	Ser	Phe	Glu	
12500					12505					12510					
cga	ggc	act	gcc	gat	caa	ctt	ctt	ggt	gtt	cta	ttg	gag	aaa	gcc	72151
Arg	Gly	Thr	Ala	Asp	Gln	Leu	Leu	Gly	Val	Leu	Leu	Glu	Lys	Ala	
12515					12520					12525					
cca	ccg	cta	tcg	ctg	ctt	tca	cca	att	aat	aaa	ttc	caa	ccc	gag	72196
Pro	Pro	Leu	Ser	Leu	Leu	Ser	Pro	Ile	Asn	Lys	Phe	Gln	Pro	Glu	
12530					12535					12540					
gga	cat	cta	aat	cgt	gtt	gca	cgc	gcg	gcc	cta	ctt	tcg	gac	ctc	72241

Gly 12545	His	Leu	Asn	Arg	Val 12550	Ala	Arg	Ala	Ala	Leu 12555	Leu	Ser	Asp	Leu	
aaa	cgt	aga	gtc	tgt	gcg	gat	atg	ttt	ttt	atg	acc	cga	cac	gcc	72286
Lys 12560	Arg	Arg	Val	Cys	Ala 12565	Asp	Met	Phe	Phe	Met 12570	Thr	Arg	His	Ala	
agg	gaa	cct	agg	ctg	atc	tct	gcg	tat	ctg	tcg	gat	atg	gtt	tcg	72331
Arg 12575	Glu	Pro	Arg	Leu	Ile 12580	Ser	Ala	Tyr	Leu	Ser 12585	Asp	Met	Val	Ser	
tgc	acc	caa	cca	tcg	gtg	atg	gta	tca	cga	ata	act	cat	aca	aac	72376
Cys 12590	Thr	Gln	Pro	Ser	Val 12595	Met	Val	Ser	Arg	Ile 12600	Thr	His	Thr	Asn	
act	cgc	gga	cgg	cag	gtt	gac	ggt	gtg	ttg	gta	aca	aca	gca	acc	72421
Thr 12605	Arg	Gly	Arg	Gln	Val 12610	Asp	Gly	Val	Leu	Val 12615	Thr	Thr	Ala	Thr	
tta	aaa	cgg	caa	cta	tta	cag	gga	att	tta	caa	att	gac	gac	acc	72466
Leu 12620	Lys	Arg	Gln	Leu	Leu 12625	Gln	Gly	Ile	Leu	Gln 12630	Ile	Asp	Asp	Thr	
gcc	gct	gac	gta	cca	gta	aca	tat	ggc	gaa	atg	gtt	cta	cag	ggg	72511
Ala 12635	Ala	Asp	Val	Pro	Val 12640	Thr	Tyr	Gly	Glu	Met 12645	Val	Leu	Gln	Gly	
aca	aac	ttg	gta	acc	gcc	ctt	gtg	atg	gga	aag	gcc	gtc	cgc	gga	72556
Thr 12650	Asn	Leu	Val	Thr	Ala 12655	Leu	Val	Met	Gly	Lys 12660	Ala	Val	Arg	Gly	
atg	gat	gat	gta	gcc	cgc	cat	ctc	ctt	gat	ata	acc	gac	cct	aac	72601
Met 12665	Asp	Asp	Val	Ala	Arg 12670	His	Leu	Leu	Asp	Ile 12675	Thr	Asp	Pro	Asn	
acg	tta	aac	ata	ccg	tct	ata	ccc	cca	caa	tcc	aac	tcc	gat	tca	72646
Thr 12680	Leu	Asn	Ile	Pro	Ser 12685	Ile	Pro	Pro	Gln	Ser 12690	Asn	Ser	Asp	Ser	
acg	aca	gct	ggg	ctt	ccg	gtt	aac	gcc	cgt	gtt	cct	gcg	gat	tta	72691
Thr 12695	Thr	Ala	Gly	Leu	Pro 12700	Val	Asn	Ala	Arg	Val 12705	Pro	Ala	Asp	Leu	
gtg	att	gtt	ggg	gat	aaa	ctt	gta	ttc	tta	gaa	gca	tta	gaa	cgg	72736
Val 12710	Ile	Val	Gly	Asp	Lys 12715	Leu	Val	Phe	Leu	Glu 12720	Ala	Leu	Glu	Arg	
cgg	gtc	tac	caa	gct	acg	cgc	gtt	gcc	tac	cct	ctt	att	gga	aat	72781
Arg 12725	Val	Tyr	Gln	Ala	Thr 12730	Arg	Val	Ala	Tyr	Pro 12735	Leu	Ile	Gly	Asn	

ata Ile 12740	gat Asp 12740	att Ile 12740	acg Thr 12740	ttt Phe 12740	atc Ile 12745	atg Met 12745	cca Pro 12745	atg Met 12745	gga Gly 12750	gtg Val 12750	ttt Phe 12750	cag Gln 12750	gca Ala 12750	aac Asn 12750	72826
tcc Ser 12755	atg Met 12755	gac Asp 12755	aga Arg 12755	tat Tyr 12755	aca Thr 12760	cga Arg 12760	cac His 12760	gcc Ala 12760	ggc Gly 12765	gat Asp 12765	ttt Phe 12765	tca Ser 12765	act Thr 12765	gta Val 12765	72871
tcc Ser 12770	gaa Glu 12770	cag Gln 12770	gat Asp 12770	cca Pro 12775	cgt Arg 12775	caa Gln 12775	ttt Phe 12775	cca Pro 12780	ccc Pro 12780	caa Gln 12780	ggg Gly 12780	att Ile 12780	ttt Phe 12780	ttt Phe 12780	72916
tat Tyr 12785	aat Asn 12785	aaa Lys 12785	gat Asp 12785	ggg Gly 12790	ata Ile 12790	tta Leu 12790	aca Thr 12790	cag Gln 12795	ttg Leu 12795	act Thr 12795	ctt Leu 12795	cgt Arg 12795	gat Asp 12795	gca Ala 12795	72961
atg Met 12800	ggt Gly 12800	acc Thr 12800	atc Ile 12800	tgc Cys 12805	cac His 12805	agt Ser 12805	tca Ser 12805	ttg Leu 12810	ctt Leu 12810	gat Asp 12810	gtc Val 12810	gag Glu 12810	gcc Ala 12810	aca Thr 12810	73006
ctt Leu 12815	gtt Val 12815	gcc Ala 12815	ctc Leu 12815	cgc Arg 12820	caa Gln 12820	caa Gln 12825	cat His 12825	tta Leu 12825	gat Asp 12825	cgt Arg 12825	cag Gln 12825	tgt Cys 12825	tat Tyr 12825	ttt Phe 12825	73051
ggt Gly 12830	gta Val 12830	tac Tyr 12830	gtg Val 12835	gcc Ala 12835	gag Glu 12835	ggt Gly 12840	aca Thr 12840	gag Glu 12840	gac Asp 12840	aca Thr 12840	ttg Leu 12840	gat Asp 12840	gtt Val 12840	caa Gln 12840	73096
atg Met 12845	ggg Gly 12845	agg Arg 12845	ttt Phe 12845	atg Met 12850	gaa Glu 12850	acg Thr 12850	tgg Trp 12855	gca Ala 12855	gat Asp 12855	atg Met 12855	atg Met 12855	cct Pro 12855	cat His 12855	cac His 12855	73141
cct Pro 12860	cat His 12860	tgg Trp 12860	gta Val 12860	aac Asn 12865	gaa Glu 12865	cat His 12870	tta Leu 12870	aca Thr 12870	att Ile 12870	cta Leu 12870	cag Gln 12870	ttt Phe 12870	ata Ile 12870	gct Ala 12870	73186
ccg Pro 12875	agc Ser 12875	aac Asn 12875	ccg Pro 12875	cgt Arg 12880	cta Leu 12880	agg Arg 12885	ttt Phe 12885	gaa Glu 12885	tta Leu 12885	aac Asn 12885	ccc Pro 12885	gcc Ala 12885	ttt Phe 12885	gat Asp 12885	73231
ttt Phe 12890	ttt Phe 12890	gtt Val 12890	gca Ala 12895	ccg Pro 12895	ggg Gly 12895	gac Asp 12900	gta Val 12900	gac Asp 12900	ctt Leu 12900	ccc Pro 12900	gga Gly 12900	ccg Pro 12900	cag Gln 12900	cgt Arg 12900	73276
ccc Pro 12905	ccg Pro 12905	gaa Glu 12905	gcc Ala 12910	atg Met 12910	cca Pro 12910	acc Thr 12915	gtt Val 12915	aac Asn 12915	gca Ala 12915	aca Thr 12915	tta Leu 12915	cgg Arg 12915	att Ile 12915	atc Ile 12915	73321
aac 12905	gga 12905	aac 12905	att 12905	ccc 12905	gtg 12905	cct 12905	cta 12905	tgt 12905	ccc 12905	att 12905	tca 12905	ttt 12905	cga 12905	gac 12905	73366

Asn 12920	Gly	Asn	Ile	Pro	Val 12925	Pro	Leu	Cys	Pro	Ile 12930	Ser	Phe	Arg	Asp	
tgt	cgc	gga	acc	caa	ctc	ggt	ttg	gga	aga	cat	aca	atg	acc	ccg	73411
Cys 12935	Arg	Gly	Thr	Gln	Leu 12940	Gly	Leu	Gly	Arg	His 12945	Thr	Met	Thr	Pro	
gca	acc	att	aaa	gcc	gta	aag	gat	aca	ttt	gaa	gac	cgc	gca	tac	73456
Ala 12950	Thr	Ile	Lys	Ala	Val 12955	Lys	Asp	Thr	Phe	Glu 12960	Asp	Arg	Ala	Tyr	
cca	act	att	ttc	tac	atg	cta	gag	gct	gtt	att	cat	gga	aac	gaa	73501
Pro 12965	Thr	Ile	Phe	Tyr	Met 12970	Leu	Glu	Ala	Val	Ile 12975	His	Gly	Asn	Glu	
aga	aac	ttc	tgt	gcg	tta	ctg	cga	ctg	tta	aca	cag	tgt	att	cgc	73546
Arg 12980	Asn	Phe	Cys	Ala	Leu 12985	Leu	Arg	Leu	Leu	Thr 12990	Gln	Cys	Ile	Arg	
ggg	tat	tgg	gag	caa	tcc	cac	agg	gtg	gca	ttt	gta	aat	aac	ttt	73591
Gly 12995	Tyr	Trp	Glu	Gln	Ser 13000	His	Arg	Val	Ala	Phe 13005	Val	Asn	Asn	Phe	
cac	atg	tta	atg	tac	ata	act	aca	tat	ctc	gga	aac	ggt	gag	ctt	73636
His 13010	Met	Leu	Met	Tyr	Ile 13015	Thr	Thr	Tyr	Leu	Gly 13020	Asn	Gly	Glu	Leu	
ccc	gaa	gtc	tgt	att	aat	ata	tat	cgg	gat	tta	ctg	cag	cat	gta	73681
Pro 13025	Glu	Val	Cys	Ile	Asn 13030	Ile	Tyr	Arg	Asp	Leu 13035	Leu	Gln	His	Val	
aga	gca	tta	cgc	caa	act	ata	acc	gat	ttt	aca	ata	caa	gga	gag	73726
Arg 13040	Ala	Leu	Arg	Gln	Thr 13045	Ile	Thr	Asp	Phe	Thr 13050	Ile	Gln	Gly	Glu	
ggc	cat	aac	ggc	gag	acc	tcg	gaa	gcg	cta	aat	aac	atc	ctt	acg	73771
Gly 13055	His	Asn	Gly	Glu	Thr 13060	Ser	Glu	Ala	Leu	Asn 13065	Asn	Ile	Leu	Thr	
gat	gac	acg	ttt	att	gca	cct	att	cta	tgg	gat	tgt	gat	gcg	tta	73816
Asp 13070	Asp	Thr	Phe	Ile	Ala 13075	Pro	Ile	Leu	Trp	Asp 13080	Cys	Asp	Ala	Leu	
ata	tac	cgt	gat	gaa	gcc	gcc	cga	gac	cga	ctc	ccc	gca	att	cgt	73861
Ile 13085	Tyr	Arg	Asp	Glu	Ala 13090	Ala	Arg	Asp	Arg	Leu 13095	Pro	Ala	Ile	Arg	
gta	agc	ggg	cga	aac	gga	tac	caa	gcc	ctt	cac	ttt	gtg	gat	atg	73906
Val 13100	Ser	Gly	Arg	Asn	Gly 13105	Tyr	Gln	Ala	Leu	His 13110	Phe	Val	Asp	Met	

gcc Ala 13115	ggg cat aac ttc caa Gly His Asn Phe Gln 13120	cga cgc gat aat gtg Arg Arg Asp Asn Val 13125	tta atc cac ggg Leu Ile His Gly 73951
aga Arg 13130	ccc gtt cgg gga gac Pro Val Arg Gly Asp 13135	acg ggt cag ggt att Thr Gly Gln Gly Ile 13140	ccc att act cca Pro Ile Thr Pro 73996
cac His 13145	cat gac cgt gaa tgg His Asp Arg Glu Trp 13150	ggt att ctc tcc aag Gly Ile Leu Ser Lys 13155	att tac tac tat Ile Tyr Tyr Tyr 74041
att Ile 13160	gtc att cct gca ttt Val Ile Pro Ala Phe 13165	tcc cgc ggt tcc tgt Ser Arg Gly Ser Cys 13170	tgt aca atg ggc Cys Thr Met Gly 74086
gtg Val 13175	cgt tat gat cgc cta Arg Tyr Asp Arg Leu 13180	tac cct gcg tta cag Tyr Pro Ala Leu Gln 13185	gca gtt atc gtt Ala Val Ile Val 74131
ccg Pro 13190	gaa att ccc gct gat Glu Ile Pro Ala Asp 13195	gaa gaa gcc cca act Glu Glu Ala Pro Thr 13200	acc cca gaa gat Thr Pro Glu Asp 74176
cca Pro 13205	aga cac cct ctt cac Arg His Pro Leu His 13210	gca cac caa ctc gtt Ala His Gln Leu Val 13215	ccg aac tct ctt Pro Asn Ser Leu 74221
aac Asn 13220	gtt tac ttc cat aat Val Tyr Phe His Asn 13225	gca cac cta acc gtt Ala His Leu Thr Val 13230	gat ggt gat gca Asp Gly Asp Ala 74266
ttg Leu 13235	ctc aca cta caa gag Leu Thr Leu Gln Glu 13240	tta atg gga gat atg Leu Met Gly Asp Met 13245	gct gaa cga acg Ala Glu Arg Thr 74311
acg Thr 13250	gcc att tta gta tca Ala Ile Leu Val Ser 13255	agc gcc ccc gat gcg Ser Ala Pro Asp Ala 13260	gga gcc gcc acg Gly Ala Ala Thr 74356
gca Ala 13265	aca acc aga aat atg Thr Thr Arg Asn Met 13270	aga ata tat gac gga Arg Ile Tyr Asp Gly 13275	gcg ctt tac cat Ala Leu Tyr His 74401
ggc Gly 13280	ctt att atg atg gca Leu Ile Met Met Ala 13285	tat cag gcg tac gat Tyr Gln Ala Tyr Asp 13290	gaa acc att gca Glu Thr Ile Ala 74446
acg	ggt act ttt ttt tat	ccc gtt ccg gtc aac	cct ctg ttt gca 74491

Thr 13295	Gly	Thr	Phe	Phe	Tyr 13300	Pro	Val	Pro	Val	Asn 13305	Pro	Leu	Phe	Ala	
tgt Cys 13310	ccg Pro	gaa Glu	cat His	ttg Leu	gca Ala 13315	tca Ser	ttg Leu	cgt Arg	gga Gly	atg Met 13320	aca Thr	aat Asn	gct Ala	agg Arg	74536
cgg Arg 13325	gtt Val	ttg Leu	gca Ala	aaa Lys	atg Met 13330	gta Val	cca Pro	cca Pro	atc Ile	cct Pro 13335	cct Pro	ttt Phe	ctg Leu	gga Gly	74581
gcc Ala 13340	aac Asn	cac His	cac His	gca Ala	act Thr 13345	ata Ile	cgc Arg	caa Gln	ccc Pro	gtt Val 13350	gcc Ala	tac Tyr	cat His	gta Val	74626
acg Thr 13355	cat His	agt Ser	aag Lys	tcg Ser	gat Asp 13360	ttt Phe	aat Asn	act Thr	ctt Leu	aca Thr 13365	tat Tyr	tct Ser	ctt Leu	ctt Leu	74671
gga Gly 13370	ggg Gly	tat Tyr	ttt Phe	aag Lys	ttt Phe 13375	aca Thr	cca Pro	ata Ile	tct Ser	ctt Leu 13380	aca Thr	cat His	caa Gln	cta Leu	74716
cga Arg 13385	acg Thr	gga Gly	ttt Phe	cac His	ccc Pro 13390	ggg Gly	att Ile	gcc Ala	ttt Phe	acc Thr 13395	gta Val	gtg Val	cgc Arg	cag Gln	74761
gat Asp 13400	cgc Arg	ttt Phe	gcc Ala	aca Thr	gag Glu 13405	caa Gln	ctt Leu	tta Leu	tat Tyr	gcc Ala 13410	gag Glu	cgt Arg	gct Ala	tct Ser	74806
gaa Glu 13415	tcg Ser	tac Tyr	ttt Phe	gtc Val	gga Gly 13420	caa Gln	atc Ile	caa Gln	gta Val	cac His 13425	cat His	cat His	gat Asp	gct Ala	74851
att Ile 13430	ggg Gly	ggg Gly	gta Val	aac Asn	ttt Phe 13435	acc Thr	cta Leu	acc Thr	caa Gln	ccc Pro 13440	aga Arg	gct Ala	cac His	gtg Val	74896
gac Asp 13445	ctg Leu	gga Gly	gtc Val	ggg Gly	tat Tyr 13450	aca Thr	gct Ala	gta Val	tgt Cys	gcc Ala 13455	aca Thr	gca Ala	gcc Ala	ctg Leu	74941
cga Arg 13460	tgc Cys	cct Pro	ctc Leu	acg Thr	gat Asp 13465	atg Met	ggc Gly	aat Asn	act Thr	gcc Ala 13470	caa Gln	aat Asn	ctt Leu	ttt Phe	74986
ttt Phe 13475	tca Ser	cga Arg	gga Gly	gga Gly	gtg Val 13480	cca Pro	atg Met	tta Leu	cat His	gat Asp 13485	aac Asn	gtt Val	acc Thr	gaa Glu	75031

tcg ttg cgt cgt ata aca gca tcg ggg ggt cgc tta aat ccc acc 75076
 Ser Leu Arg Arg Ile Thr Ala Ser Gly Gly Arg Leu Asn Pro Thr
 13490 13495 13500

gaa ccc cta ccc atc ttc ggc gga cta cgt cct gct aca tcg gca 75121
 Glu Pro Leu Pro Ile Phe Gly Gly Leu Arg Pro Ala Thr Ser Ala
 13505 13510 13515

gga att gca cga ggg caa gcc tct gtg tgt gag ttt gtg gcc atg 75166
 Gly Ile Ala Arg Gly Gln Ala Ser Val Cys Glu Phe Val Ala Met
 13520 13525 13530

ccg gtg tcc act gac cta caa tat ttt aga act gca tgc aat cct 75211
 Pro Val Ser Thr Asp Leu Gln Tyr Phe Arg Thr Ala Cys Asn Pro
 13535 13540 13545

aga ggt cga gca tct gga atg tta tat atg ggt gac cgt gac gcc 75256
 Arg Gly Arg Ala Ser Gly Met Leu Tyr Met Gly Asp Arg Asp Ala
 13550 13555 13560

gac ata gag gct ata atg ttt gat cac aca caa tcg gat gtt gct 75301
 Asp Ile Glu Ala Ile Met Phe Asp His Thr Gln Ser Asp Val Ala
 13565 13570 13575

tat aca gat cga gca act ctt aac cca tgg gca tca caa aaa cat 75346
 Tyr Thr Asp Arg Ala Thr Leu Asn Pro Trp Ala Ser Gln Lys His
 13580 13585 13590

tca tac ggt gac agg cta tac aac gga aca tac aac ctt aca ggc 75391
 Ser Tyr Gly Asp Arg Leu Tyr Asn Gly Thr Tyr Asn Leu Thr Gly
 13595 13600 13605

gct tct cct atc tac agc cca tgc ttt aag ttt ttt aca cca gcg 75436
 Ala Ser Pro Ile Tyr Ser Pro Cys Phe Lys Phe Phe Thr Pro Ala
 13610 13615 13620

gag gtt aac act aat tgt aat aca ctg gat cgg ctt cta atg gag 75481
 Glu Val Asn Thr Asn Cys Asn Thr Leu Asp Arg Leu Leu Met Glu
 13625 13630 13635

gca aag gct gtg gcg tcg caa agc tcc acc gac act gaa tat caa 75526
 Ala Lys Ala Val Ala Ser Gln Ser Ser Thr Asp Thr Glu Tyr Gln
 13640 13645 13650

ttt aaa cgc cct ccc ggt tct acc gaa atg aca cag gat ccg tgt 75571
 Phe Lys Arg Pro Pro Gly Ser Thr Glu Met Thr Gln Asp Pro Cys
 13655 13660 13665

ggc ctt ttt caa gaa gca tat cca cca cta tgc tca agc gat gcg 75616

Gly 13670	Leu Phe Gln Glu Ala 13675	Tyr Pro Pro Leu Cys 13680	Ser Ser Asp Ala	
gcc 13685	atg tta cga acg gct 13690	cac gcg gga gaa acc 13695	ggg gca gat gaa Gly Ala Asp Glu	75661
Ala 13685	Met Leu Arg Thr 13690	His Ala Gly Glu Thr 13695		
gtt 13700	cac tta gcc caa tat 13705	ctg att cga gac gcg 13710	tcg ccc ctt agg Ser Pro Leu Arg	75706
Val 13700	His Leu Ala Gln Tyr 13705	Leu Ile Arg Asp Ala 13710		
gga 13715	tgt ctt cct ctt ccg 13720	cga taa tttcaccacg Arg	cccacatacc	75750
Gly 13715	Cys Leu Pro Leu Pro 13720			
cactcccaat	aaaagccctg	tagagcgc	at taggcattctta	cttgagattt ggatacgctc 75810
ggccgacttg	gtctgtttca	cgcttcctta	aacaac atg gct atg cca	ttt gag 75864
			Met Ala Met Pro	Phe Glu 13725
ata gag gta	ttg tta cca gga gaa	cta tcc ccg gcg gaa	aca tct	75909
Ile Glu Val	Leu Leu Pro Gly Glu	Leu Ser Pro Ala Glu	Thr Ser	
	13730	13735	13740	
gca tta cag	aaa tgt gag gga aaa	att att acc ttc tca	acc ctg	75954
Ala Leu Gln	Lys Cys Glu Gly Lys	Ile Ile Thr Phe Ser	Thr Leu	
	13745	13750	13755	
cgt cat cga	gct tca ctg gtg gat	ata gcg ctg tcg tca	tat tac	75999
Arg His Arg	Ala Ser Leu Val Asp	Ile Ala Leu Ser Ser	Tyr Tyr	
	13760	13765	13770	
att aac ggt	gct cca cca gac acg	ctc tcg ctg tta gag	gca tac	76044
Ile Asn Gly	Ala Pro Pro Asp Thr	Leu Ser Leu Leu Glu	Ala Tyr	
	13775	13780	13785	
cga atg cga	ttc gcg gca gtt ata	aca cgg gtc atc ccg	gga aag	76089
Arg Met Arg	Phe Ala Ala Val Ile	Thr Arg Val Ile Pro	Gly Lys	
	13790	13795	13800	
ttg ttg gcg	cat gcc att ggc gtg	ggg act cct aca ccc	ggg ttg	76134
Leu Leu Ala	His Ala Ile Gly Val	Gly Thr Pro Thr Pro	Gly Leu	
	13805	13810	13815	
ttt att caa	aat aca tcc ccc gtt	gat ctt tgt aat ggc	gat tac	76179
Phe Ile Gln	Asn Thr Ser Pro Val	Asp Leu Cys Asn Gly	Asp Tyr	
	13820	13825	13830	
atc tgc tta	ctt cct ccg gtt ttc	ggg tcc gca gac tca	att cgc	76224

Ile Cys Leu	Leu Pro Pro Val Phe	Gly Ser Ala Asp Ser	Ile Arg	
13835	13840	13845		
ttg gac tct	gta gga ctg gaa att	gtt ttc cct tta acc	atc ccc	76269
Leu Asp Ser	Val Gly Leu Glu Ile	Val Phe Pro Leu Thr	Ile Pro	
13850	13855	13860		
cag acc tta	atg cga gaa atc atc	gcc aaa gtg gtt gca	cgg gcc	76314
Gln Thr Leu	Met Arg Glu Ile Ile	Ala Lys Val Val Ala	Arg Ala	
13865	13870	13875		
gtt gag cgc	acg gcc gcg ggt gct	caa att tta ccc cac	gaa gtt	76359
Val Glu Arg	Thr Ala Ala Gly Ala	Gln Ile Leu Pro His	Glu Val	
13880	13885	13890		
cta cga ggc	gcg gat gtc att tgt	tac aat gga agg cgt	tat gaa	76404
Leu Arg Gly	Ala Asp Val Ile Cys	Tyr Asn Gly Arg Arg	Tyr Glu	
13895	13900	13905		
ctc gaa aca	aat tta caa cat cgg	gac gga tcg gat gcg	gct att	76449
Leu Glu Thr	Asn Leu Gln His Arg	Asp Gly Ser Asp Ala	Ala Ile	
13910	13915	13920		
cgc aca ttg	gtt tta aat cta atg	ttt tcc ata aac gag	gga tgt	76494
Arg Thr Leu	Val Leu Asn Leu Met	Phe Ser Ile Asn Glu	Gly Cys	
13925	13930	13935		
ctg ctt tta	ttg gcg ctg att cca	act ttg tta gtc caa	gga gca	76539
Leu Leu Leu	Leu Ala Leu Ile Pro	Thr Leu Leu Val Gln	Gly Ala	
13940	13945	13950		
cac gac ggt	tat gta aat tta ttg	ata caa acg gcc aat	tgc gtt	76584
His Asp Gly	Tyr Val Asn Leu Leu	Ile Gln Thr Ala Asn	Cys Val	
13955	13960	13965		
aga gaa acc	ggc cag tta att aat	ata ccg cca atg ccg	cgg att	76629
Arg Glu Thr	Gly Gln Leu Ile Asn	Ile Pro Pro Met Pro	Arg Ile	
13970	13975	13980		
caa gac ggc	cat cgc cga ttt ccc	ata tat gaa act att	tca tct	76674
Gln Asp Gly	His Arg Arg Phe Pro	Ile Tyr Glu Thr Ile	Ser Ser	
13985	13990	13995		
tgg ata tca	aca tca tct aga ctg	ggg gat acc ttg gga	act cgc	76719
Trp Ile Ser	Thr Ser Ser Arg Leu	Gly Asp Thr Leu Gly	Thr Arg	
14000	14005	14010		
gca att tta	cgc gtc tgt gtg ttt	gat gga ccc tct act	gtt cat	76764
Ala Ile Leu	Arg Val Cys Val Phe	Asp Gly Pro Ser Thr	Val His	
14015	14020	14025		

ccg gga gac	cgc acg gcc gtg att	caa gtg taa acaggtgtta	76807
Pro Gly Asp	Arg Thr Ala Val Ile	Gln Val	
14030	14035		

ataaaaaacac	aaccagtcta	gttacatttc	acgcgtcttg	tttttattta	ataggcataa	76867
acacggaatc	cggtatacat	gaactgccaa	tatacacgga	cataattaat	gcaaccatca	76927
gatcatctga	cattgttccc	gtggtacctt	tacccgtgta	agtttttgtg	tctagattac	76987
ccataccgcc	tttaattacc	tctgtcaggt	tatccaactg	tttacaatga	tactccacgg	77047
ggtctacacc	taactttact	gttagggata	caagctcctg	tgaggctatt	atatttccgg	77107
agttaaactc	tttaacaaaa	tagtctacgg	ccggcgtttt	ttgtttttgt	aataaaaaaa	77167
aagggtacgc	cacgctacat	ccgggaggta	tggaatgata	aaacagtaac	actggagcgg	77227
aagatagcac	gtttcccttt	tcgaggacag	caaactgttg	tgctatagcc	aacgatatgg	77287
caactgcaga	atcctggctg	ctgtttccct	ctatagaaac	gtgtacgttt	gtaaatgtat	77347
tgggggtgta	agcgagtatg	tggcctaagc	attgagtaac	gcaacgccct	atctcactgg	77407
aagacgtgcc	agttaaagct	ctaagaaaaa	agtgtcctca	tccaaatata	atccaatccg	77467
acttataacg	accaacaatc	gttacaccag	taccagacgc	tcgtgtattt	gaggtaaatg	77527
cagggtctac	gtaaacgtac	aacactgacg	ataatatagc	acaattcgca	acggttgacg	77587
gccgatataa	aataaacctc	tcacgggcag	tttttgtaaa	taatggccgg	tcaaacccca	77647
cacccccaga	attctgttta	cgcccaccta	caatttcttg	cacgaaggag	tcggccataa	77707
ataaatctgc	agtgcgccgc	atggctccat	ccattgtgat	gaaaaccggc	ttatttaata	77767
cataacacga	acaagctgtg	acatcgctat	gtgctaaaac	acgcggcatg	tgatcgctgc	77827
atacatatgt	aacaacgttt	aacaactgat	ccgacgatcc	acgtaagtta	tacaaaaaac	77887
ttgtacttgc	ttttccggta	tttgttgatg	aaacaaaaat	aattttacaa	ttggtttgat	77947
ttaaaaatcc	gactatagtt	tgtacagcat	caggctgaat	aaaattagct	tcatccacaa	78007
acagaagatt	aaaatcttga	cctcggatac	cctggaacga	tagaaagata	tatagttacc	78067
ccaccaaagt	ttaaattgat	ccttaaatac	cacgtacgta	aaaaatgttt	gaatacgtac	78127
atatttcttt	tttttttcca	gtacaaccat	atccggtgta	ta atg gaa gcc	cat	78181

												Met	Glu	Ala	His	
												14040				
ttg gca aat gaa	acc aaa cat gca ctt	tgg cat aat gat cac	aca	78226												
Leu Ala Asn Glu	Thr Lys His Ala Leu	Trp His Asn Asp His	Thr													
	14045	14050	14055													
aaa gga tta cta	cac gtt gtg ata cct	aac gcg ggg ctt att	gcg	78271												
Lys Gly Leu Leu	His Val Val Ile Pro	Asn Ala Gly Leu Ile	Ala													
	14060	14065	14070													
gcc gga ata gat	ccc gca tta ctg att	tta aag aaa ccc gga	caa	78316												
Ala Gly Ile Asp	Pro Ala Leu Leu Ile	Leu Lys Lys Pro Gly	Gln													
	14075	14080	14085													
cgc ttc aag gtt	gaa gta caa aca aga	tat cat gct aca ggt	caa	78361												
Arg Phe Lys Val	Glu Val Gln Thr Arg	Tyr His Ala Thr Gly	Gln													
	14090	14095	14100													
tgc gaa ccg tgg	tgt caa gtt ttc gcc	gcg tac att ccc gat	aac	78406												
Cys Glu Pro Trp	Cys Gln Val Phe Ala	Ala Tyr Ile Pro Asp	Asn													
	14105	14110	14115													
gcc tta aca aat	ctc tta ata cca aaa	acg gaa cca ttt gtt	tca	78451												
Ala Leu Thr Asn	Leu Leu Ile Pro Lys	Thr Glu Pro Phe Val	Ser													
	14120	14125	14130													
cac gtt ttt tcg	gcc acg cat aat tca	ggg gga ttg att tta	tca	78496												
His Val Phe Ser	Ala Thr His Asn Ser	Gly Gly Leu Ile Leu	Ser													
	14135	14140	14145													
ttg cct gtt tat	ctt agc ccc ggt tta	ttc ttt gat gca ttt	aac	78541												
Leu Pro Val Tyr	Leu Ser Pro Gly Leu	Phe Phe Asp Ala Phe	Asn													
	14150	14155	14160													
gtt gta gcg ata	cga ata aat act gga	aac cgc aag cac cgt	gat	78586												
Val Val Ala Ile	Arg Ile Asn Thr Gly	Asn Arg Lys His Arg	Asp													
	14165	14170	14175													
att tgt att atg	tat gca gaa cta atc	cca aac gga acg cgt	tat	78631												
Ile Cys Ile Met	Tyr Ala Glu Leu Ile	Pro Asn Gly Thr Arg	Tyr													
	14180	14185	14190													
ttt gct gat gga	caa cgg gta ctt tta	tta tgc aaa cag ctg	att	78676												
Phe Ala Asp Gly	Gln Arg Val Leu Leu	Leu Cys Lys Gln Leu	Ile													
	14195	14200	14205													
gcg tat atc cga	tgc acc cct cgt ctt	gca tcg tct ata aaa	ata	78721												
Ala Tyr Ile Arg	Cys Thr Pro Arg Leu	Ala Ser Ser Ile Lys	Ile													
	14210	14215	14220													

tac gca gag cat	atg gtg gca gcc atg	ggc gaa tca cac acg	tca	78766
Tyr Ala Glu His	Met Val Ala Ala Met	Gly Glu Ser His Thr	Ser	
14225	14230	14235		
aat ggg gac aat	att gga ccc gtt tca	tcc ata atc gat ctt	gat	78811
Asn Gly Asp Asn	Ile Gly Pro Val Ser	Ser Ile Ile Asp Leu	Asp	
14240	14245	14250		
cga cag tta act	tct gga ggt att gat	gac tcc cct gct gaa	aca	78856
Arg Gln Leu Thr	Ser Gly Gly Ile Asp	Asp Ser Pro Ala Glu	Thr	
14255	14260	14265		
cgc ata cag gaa	aat aat cgg gac gtc	ctt gag cta ata aaa	cgg	78901
Arg Ile Gln Glu	Asn Asn Arg Asp Val	Leu Glu Leu Ile Lys	Arg	
14270	14275	14280		
gcc gta aac att	gtt aac tcc agg cac	ccc gtc cga cct tct	agt	78946
Ala Val Asn Ile	Val Asn Ser Arg His	Pro Val Arg Pro Ser	Ser	
14285	14290	14295		
tcc cgc gtt gca	tct ggg ttg ctt caa	agt gca aag ggc cac	gga	78991
Ser Arg Val Ala	Ser Gly Leu Leu Gln	Ser Ala Lys Gly His	Gly	
14300	14305	14310		
gcg caa act tcc	aac aca gat ccg atc	aat aac ggt tcc ttt	gat	79036
Ala Gln Thr Ser	Asn Thr Asp Pro Ile	Asn Asn Gly Ser Phe	Asp	
14315	14320	14325		
ggc gtc ctt gag	ccg cct gga caa ggg	cga ttt acg gga aag	aaa	79081
Gly Val Leu Glu	Pro Pro Gly Gln Gly	Arg Phe Thr Gly Lys	Lys	
14330	14335	14340		
aac aat tcg tcc	gcc agc atc cca cct	tta caa gac gtt cta	ttg	79126
Asn Asn Ser Ser	Ala Ser Ile Pro Pro	Leu Gln Asp Val Leu	Leu	
14345	14350	14355		
ttt acc cca gct	tcg aca gaa ccc caa	agt ctt atg gaa tgg	ttc	79171
Phe Thr Pro Ala	Ser Thr Glu Pro Gln	Ser Leu Met Glu Trp	Phe	
14360	14365	14370		
gac atc tgt tat	gcc caa tta gtt agc	ggg gac act cca gca	gat	79216
Asp Ile Cys Tyr	Ala Gln Leu Val Ser	Gly Asp Thr Pro Ala	Asp	
14375	14380	14385		
ttc tgg aaa cgg	cgt ccc cta tca att	gta ccg cga cat tac	gca	79261
Phe Trp Lys Arg	Arg Pro Leu Ser Ile	Val Pro Arg His Tyr	Ala	
14390	14395	14400		
gaa tcc ccc agt	ccg ttg att gta gta	tct tac aac gga tcc	tct	79306

Glu Ser Pro Ser	Pro Leu Ile Val Val	Ser Tyr Asn Gly Ser Ser	
14405	14410	14415	
gcc tgg gga gga	cgt att acc gga agt	cca att tta tat cac	tct 79351
Ala Trp Gly Gly	Arg Ile Thr Gly Ser	Pro Ile Leu Tyr His	Ser
14420	14425	14430	
gca cag gct att	att gat gct gcg tgt	ata aat gcc cgg gtt	gac 79396
Ala Gln Ala Ile	Ile Asp Ala Ala Cys	Ile Asn Ala Arg Val	Asp
14435	14440	14445	
aat ccc caa agc	cta cat gtg aca gct	cgc caa gag cta gtc	gcg 79441
Asn Pro Gln Ser	Leu His Val Thr Ala	Arg Gln Glu Leu Val	Ala
14450	14455	14460	
cgt tta ccg ttt	ttg gct aac gtc cta	aat aat caa acc ccc	tta 79486
Arg Leu Pro Phe	Leu Ala Asn Val Leu	Asn Asn Gln Thr Pro	Leu
14465	14470	14475	
ccc gcc ttt aaa	cca ggc gcc gaa atg	ttt tta aac cag gta	ttt 79531
Pro Ala Phe Lys	Pro Gly Ala Glu Met	Phe Leu Asn Gln Val	Phe
14480	14485	14490	
aaa caa gcg tgt	gtg aca tcg cta acc	caa ggt ctt ata acg	gag 79576
Lys Gln Ala Cys	Val Thr Ser Leu Thr	Gln Gly Leu Ile Thr	Glu
14495	14500	14505	
tta caa acg aac	ccg act cta caa caa	ctc atg gaa tat gat	att 79621
Leu Gln Thr Asn	Pro Thr Leu Gln Gln	Leu Met Glu Tyr Asp	Ile
14510	14515	14520	
gca gat tct tcc	caa acg gtt att gat	gaa att gta gcc cgc	aca 79666
Ala Asp Ser Ser	Gln Thr Val Ile Asp	Glu Ile Val Ala Arg	Thr
14525	14530	14535	
cca gac ctg att	cag act ata gtt tcg	gtg tta acg gaa atg	tca 79711
Pro Asp Leu Ile	Gln Thr Ile Val Ser	Val Leu Thr Glu Met	Ser
14540	14545	14550	
atg gat gcg ttt	tat aac agc tcc ttg	atg tat gcg gtt ttg	gcg 79756
Met Asp Ala Phe	Tyr Asn Ser Ser Leu	Met Tyr Ala Val Leu	Ala
14555	14560	14565	
tat ctg tca tct	gta tat aca cga cca	caa ggt ggg ggg tat	ata 79801
Tyr Leu Ser Ser	Val Tyr Thr Arg Pro	Gln Gly Gly Gly Tyr	Ile
14570	14575	14580	
ccc tac ctt cac	gct tcc ttc cca tgc	tgg tta ggt aat cgt	tct 79846
Pro Tyr Leu His	Ala Ser Phe Pro Cys	Trp Leu Gly Asn Arg	Ser
14585	14590	14595	

ata tat tta ttt	gac tat tat aat tca	gga ggg gaa ata ctt	aag	79891
Ile Tyr Leu Phe	Asp Tyr Tyr Asn Ser	Gly Gly Glu Ile Leu	Lys	
14600	14605	14610		
ctt tcc aag gtc	ccc gtt ccc gta gcc	tta gaa aag gtt ggt	att	79936
Leu Ser Lys Val	Pro Val Pro Val Ala	Leu Glu Lys Val Gly	Ile	
14615	14620	14625		
ggt aat tcc aca	caa ctg agg ggt aaa	ttt ata cgc agc gcg	gat	79981
Gly Asn Ser Thr	Gln Leu Arg Gly Lys	Phe Ile Arg Ser Ala	Asp	
14630	14635	14640		
att gtt gat att	gga att tgt tct aag	tat tta ccc ggt caa	tgt	80026
Ile Val Asp Ile	Gly Ile Cys Ser Lys	Tyr Leu Pro Gly Gln	Cys	
14645	14650	14655		
tac gcg tac att	tgt cta gga ttt aac	cag caa tta caa tcc	att	80071
Tyr Ala Tyr Ile	Cys Leu Gly Phe Asn	Gln Gln Leu Gln Ser	Ile	
14660	14665	14670		
tta gtt tta ccg	ggg gga ttt gcg gca	tgt ttt tgt att acc	gat	80116
Leu Val Leu Pro	Gly Gly Phe Ala Ala	Cys Phe Cys Ile Thr	Asp	
14675	14680	14685		
acc cta cag gca	gca cta cct gca tcg	tta atc gga cct att	cta	80161
Thr Leu Gln Ala	Ala Leu Pro Ala Ser	Leu Ile Gly Pro Ile	Leu	
14690	14695	14700		
gac aga ttc tgc	ttc tct att ccc aac	ccc cat aaa taa		80200
Asp Arg Phe Cys	Phe Ser Ile Pro Asn	Pro His Lys		
14705	14710			
attagtgtca ctataaaaac ataacaccag aatctcttca tatgtaattt tacgtcattt				80260
ctcccgtttc caccctct taaaataaa aataaccggg tgggtggcat taaaccaca				80320
agtaccggg cggcaatccg ctagactgtt tttctgctc atg gaa tta caa cgc				80374
Met Glu Leu Gln Arg				
14715				
ata ttt	ccg ctg tac acc gct	acg ggt gca gcg cgc	aaa tta acc	80419
Ile Phe	Pro Leu Tyr Thr Ala	Thr Gly Ala Ala Arg	Lys Leu Thr	
14720	14725	14730		
ccc gag	gca gtt cag aga ctc	tgc gat gca tta acg	ctg gat atg	80464
Pro Glu	Ala Val Gln Arg Leu	Cys Asp Ala Leu Thr	Leu Asp Met	
14735	14740	14745		
gga tta	tgg aag tcc atc ctg	acc gat ccc cgg gtg	aaa ata atg	80509

Gly Leu	Trp Lys Ser Ile Leu	Thr Asp Pro Arg Val	Lys Ile Met	
14750	14755	14760		
cga tca	act gct ttt ata act	tta agg atc gct ccg	ttt atc ccc	80554
Arg Ser	Thr Ala Phe Ile Thr	Leu Arg Ile Ala Pro	Phe Ile Pro	
14765	14770	14775		
ctt caa	acg gat act act aat	att gcc gtt gtt gta	gcc aca att	80599
Leu Gln	Thr Asp Thr Thr Asn	Ile Ala Val Val Val	Ala Thr Ile	
14780	14785	14790		
tac atc	acg cgc cca cgt cag	atg aac tta cct ccg	aag act ttt	80644
Tyr Ile	Thr Arg Pro Arg Gln	Met Asn Leu Pro Pro	Lys Thr Phe	
14795	14800	14805		
cat gta	att gta aat ttt aat	tac gag gtc tcg tac	gca atg acg	80689
His Val	Ile Val Asn Phe Asn	Tyr Glu Val Ser Tyr	Ala Met Thr	
14810	14815	14820		
gcg act	tta aga att tat ccg	gtt gaa aac ata gac	cat gtt ttt	80734
Ala Thr	Leu Arg Ile Tyr Pro	Val Glu Asn Ile Asp	His Val Phe	
14825	14830	14835		
gga gca	acg ttt aag aac ccg	atc gcg tac ccc ctt	cca aca tct	80779
Gly Ala	Thr Phe Lys Asn Pro	Ile Ala Tyr Pro Leu	Pro Thr Ser	
14840	14845	14850		
att ccg	gat cct cga gca gat	ccc acc ccc gca gat	ctt aca cca	80824
Ile Pro	Asp Pro Arg Ala Asp	Pro Thr Pro Ala Asp	Leu Thr Pro	
14855	14860	14865		
acg cca	aac tta agc aac tac	tta caa ccc ccg cgg	ctt ccg aaa	80869
Thr Pro	Asn Leu Ser Asn Tyr	Leu Gln Pro Pro Arg	Leu Pro Lys	
14870	14875	14880		
aat cca	tac gca tgt aaa gtt	att tct ccg gga gtg	tgg tgg tca	80914
Asn Pro	Tyr Ala Cys Lys Val	Ile Ser Pro Gly Val	Trp Trp Ser	
14885	14890	14895		
gac gaa	cga agg cgt tta tat	gta ctg gct atg gaa	cct aat tta	80959
Asp Glu	Arg Arg Arg Leu Tyr	Val Leu Ala Met Glu	Pro Asn Leu	
14900	14905	14910		
ata ggg	cta tgt ccc gcc gga	tgg cat gct cgg ata	ctt ggc tct	81004
Ile Gly	Leu Cys Pro Ala Gly	Trp His Ala Arg Ile	Leu Gly Ser	
14915	14920	14925		
gta tta	aat cga ctc ctc agc	cat gcg gac gga tgt	gat gaa tgt	81049
Val Leu	Asn Arg Leu Leu Ser	His Ala Asp Gly Cys	Asp Glu Cys	
14930	14935	14940		

aat cat	aga gtt cac	gtg ggg	gca ctg tat	gcg tta	ccc cat gtc	81094
Asn His	Arg Val His	Val Gly	Ala Leu Tyr	Ala Leu	Pro His Val	
14945		14950		14955		
aca aat	cat gcg gaa	ggt tgt	gtg tgt tgg	gct ccg	tgt atg tgg	81139
Thr Asn	His Ala Glu	Gly Cys	Val Cys Trp	Ala Pro	Cys Met Trp	
14960		14965		14970		
aga aag	gcc ggt cag	cgg gaa	tta aaa gtg	gag gta	gac att ggc	81184
Arg Lys	Ala Gly Gln	Arg Glu	Leu Lys Val	Glu Val	Asp Ile Gly	
14975		14980		14985		
gcc acg	cag gtt ctt	ttt gta	gat gtc acc	acc tgc	att cga att	81229
Ala Thr	Gln Val Leu	Phe Val	Asp Val Thr	Thr Cys	Ile Arg Ile	
14990		14995		15000		
acg agt	act aaa aat	cct cgc	att acc gca	aat ctt	ggc gac gtt	81274
Thr Ser	Thr Lys Asn	Pro Arg	Ile Thr Ala	Asn Leu	Gly Asp Val	
15005		15010		15015		
ata gcg	gga acc aac	gcc agt	ggg ctc tct	gta cca	gta aat tca	81319
Ile Ala	Gly Thr Asn	Ala Ser	Gly Leu Ser	Val Pro	Val Asn Ser	
15020		15025		15030		
tct ggg	tgg cag ctt	tat atg	ttt gga gaa	aca tta	agc cgg gct	81364
Ser Gly	Trp Gln Leu	Tyr Met	Phe Gly Glu	Thr Leu	Ser Arg Ala	
15035		15040		15045		
att att	aac ggc tgt	ggt ctg	ctt cag cga	att tgc	ttc ccc gag	81409
Ile Ile	Asn Gly Cys	Gly Leu	Leu Gln Arg	Ile Cys	Phe Pro Glu	
15050		15055		15060		
aca caa	aga tta tcg	ggt gaa	ccg gaa cct	aca acc	acc tag	81451
Thr Gln	Arg Leu Ser	Gly Glu	Pro Glu Pro	Thr Thr	Thr	
15065		15070		15075		
tataccttaa	ctcaaccgcc	gttgttgaaa	ggtatatgtc	aacattttaca	gtaatatatt	81511
aaagggttaaa	tttataaaac	actcacgttt	gtgttgtgac	ttgacgcgaa	caccgctgtg	81571
ctgtaagacc	cgctcggtaaa	tgaaaacgta	atagattcgc	ctttttacatg	atccacgtaa	81631
tttgcccaa	accactgttc	caggcgagac	ttgataccct	caaacacggg	ttccgttgct	81691
ttgcgtatat	gagccgtata	accacittta	attcctctaa	acgtggccat	tactaaagct	81751
attaatggta	caagaaacca	tgttttccca	tgtctacgtg	gtaccaaaaa	cacagttgat	81811
ttttgtttga	agtgttctaa	aacactgtca	gaaacacttg	gcgtgtttaa	cactgtacgc	81871

agaaagcagt caactctgtc ggcatgatcg cccaatagca ccgatgaaat aaaatgcgtg 81931
 gtgtgcatga ggatcatittt ttgaaacagt tccaacgtcc cttatatct gccatagatt 81991
 ggaacgtcaa cctttgcgcg ttgccatga ctccacact cttcaatact ctcaaaagat 82051
 gtttccacaa ggtacgaaaa ccgttgtgta aaggtagaca actgacagaa actatccgac 82111
 agagaaaacg cgcgaaatgt gttcataaca ccgctatacg catttcgatg aggtgctgct 82171
 tcttccggtg aatattcata aaactgtaca ctactgacag ctttttttaa ttcagggctt 82231
 acgtttgcat ttaccgaata tcgcatggt ttcaaaacta cattgggggt acagttgtac 82291
 cctgttgacg atagaaacgc gccaaacatt gcccgtcgag cagtagccga gaacagtgga 82351
 atatatcac aacagttgtg aagcgttcca attccgggaa taacggcctg atgacgtcgg 82411
 gttacatcta tagcaaaatt cagaaacggg atttgggttg cgtttcccag agacccttgc 82471
 cgcggtgaac acggggtagg ggactccaac gtcccaaagc gttcatccct acgacgcttt 82531
 agacgttcaa aatatcttac agattcttca ccaagcgtac gaccaaacat tatcaatgac 82591
 atttaacatc aattcacgga atccgcctca tctcttgtaa gcagtaaaac aggaagccgc 82651
 gtcattctac gtactcgtaa cgtatatatc ataaacatit tcagggccgc attcattcac 82711
 tttggtc atg tca ggc cac act cca acc tac gct tct cat agg cgt 82757
 Met Ser Gly His Thr Pro Thr Tyr Ala Ser His Arg Arg
 15080 15085
 aac cgt gtc aaa cta gtt gag gcg cat aac cgc gcg ggg tta ttt 82802
 Asn Arg Val Lys Leu Val Glu Ala His Asn Arg Ala Gly Leu Phe
 15090 15095 15100
 aaa gaa cgg acc ctc gat cta atc cgt ggg ggt gcg agt gta caa 82847
 Lys Glu Arg Thr Leu Asp Leu Ile Arg Gly Gly Ala Ser Val Gln
 15105 15110 15115
 gat cca gca ttt gtg tat gcc ttt act gct gca aaa gag gcc tgc 82892
 Asp Pro Ala Phe Val Tyr Ala Phe Thr Ala Ala Lys Glu Ala Cys
 15120 15125 15130
 gcc gat tta aat aac cag ctc cgc tct gca gct cgc ata gct tca 82937
 Ala Asp Leu Asn Asn Gln Leu Arg Ser Ala Ala Arg Ile Ala Ser
 15135 15140 15145
 gtt gaa cag aag att cgt gat ata caa tcc aag gtt gag gaa caa 82982

出証特 2 0 0 5 - 3 0 3 5 3 8 5

出証特 2 0 0 5 - 3 0 3 5 3 8 5

Thr	Leu	Glu	Ser	Pro	Asn	Asp	Val	Thr	Tyr	Thr	Thr	Pro	Gly	Ser		
				15355					15360					15365		
acc	aac	gca	ctg	ttc	ttt	aag	acg	tcc	aca	cag	cct	cag	gag	ccg	84981	
Thr	Asn	Ala	Leu	Phe	Phe	Lys	Thr	Ser	Thr	Gln	Pro	Gln	Glu	Pro		
				15370					15375					15380		
cgt	ccg	gaa	gag	tta	gca	tcc	aaa	tta	acc	caa	gac	gac	att	aaa	85026	
Arg	Pro	Glu	Glu	Leu	Ala	Ser	Lys	Leu	Thr	Gln	Asp	Asp	Ile	Lys		
				15385					15390					15395		
cgt	att	cta	tta	aca	ata	gaa	tcg	gag	act	cgt	ggt	cag	ggc	gac	85071	
Arg	Ile	Leu	Leu	Thr	Ile	Glu	Ser	Glu	Thr	Arg	Gly	Gln	Gly	Asp		
				15400					15405					15410		
aat	gcc	att	tgg	aca	cta	ctc	aga	cga	aat	tta	atc	acc	gca	tca	85116	
Asn	Ala	Ile	Trp	Thr	Leu	Leu	Arg	Arg	Asn	Leu	Ile	Thr	Ala	Ser		
				15415					15420					15425		
act	ctt	aaa	tgg	agt	gta	tct	gga	ccc	gtc	att	cca	cct	cag	tgg	85161	
Thr	Leu	Lys	Trp	Ser	Val	Ser	Gly	Pro	Val	Ile	Pro	Pro	Gln	Trp		
				15430					15435					15440		
ttt	tac	cac	cat	aac	act	aca	gac	aca	tac	ggt	gat	gcg	gcg	gca	85206	
Phe	Tyr	His	His	Asn	Thr	Thr	Asp	Thr	Tyr	Gly	Asp	Ala	Ala	Ala		
				15445					15450					15455		
atg	gcg	ttt	gga	aaa	acc	aac	gaa	ccg	gcg	gca	cga	gcg	ata	gtt	85251	
Met	Ala	Phe	Gly	Lys	Thr	Asn	Glu	Pro	Ala	Ala	Arg	Ala	Ile	Val		
				15460					15465					15470		
gaa	gca	ttg	ttt	ata	gat	ccg	gct	gat	atc	cgt	act	cct	gat	cat	85296	
Glu	Ala	Leu	Phe	Ile	Asp	Pro	Ala	Asp	Ile	Arg	Thr	Pro	Asp	His		
				15475					15480					15485		
tta	acg	cca	gaa	gct	aca	act	aag	ttt	ttt	aat	ttt	gac	atg	ctc	85341	
Leu	Thr	Pro	Glu	Ala	Thr	Thr	Lys	Phe	Phe	Asn	Phe	Asp	Met	Leu		
				15490					15495					15500		
aat	acc	aaa	tct	cca	agt	ctc	ctt	gtg	ggt	aca	cca	aga	atc	gga	85386	
Asn	Thr	Lys	Ser	Pro	Ser	Leu	Leu	Val	Gly	Thr	Pro	Arg	Ile	Gly		
				15505					15510					15515		
acg	tat	gaa	tgt	gga	ctt	tta	atc	gac	gtt	cga	acg	gga	ctt	ata	85431	
Thr	Tyr	Glu	Cys	Gly	Leu	Leu	Ile	Asp	Val	Arg	Thr	Gly	Leu	Ile		
				15520					15525					15530		
ggc	gcg	tcg	ttg	gac	gtt	ctt	gta	tgt	gac	agg	gac	cct	tta	act	85476	
Gly	Ala	Ser	Leu	Asp	Val	Leu	Val	Cys	Asp	Arg	Asp	Pro	Leu	Thr		
				15535					15540					15545		

ggc acc cta aat ccc	cac cct gca gaa acc	gac att tca ttt ttt	85521
Gly Thr Leu Asn Pro	His Pro Ala Glu Thr	Asp Ile Ser Phe Phe	
15550	15555	15560	
gaa att aaa tgt cgt	gct aaa tac ctc ttt	gat cca gat gac aaa	85566
Glu Ile Lys Cys Arg	Ala Lys Tyr Leu Phe	Asp Pro Asp Asp Lys	
15565	15570	15575	
aat aac ccg ctc ggt	cgg acg tac acc acg	tta ata aat aga cct	85611
Asn Asn Pro Leu Gly	Arg Thr Tyr Thr Thr	Leu Ile Asn Arg Pro	
15580	15585	15590	
aca atg gca aat cta	cgg gac ttt tta tat	act ata aaa aac cca	85656
Thr Met Ala Asn Leu	Arg Asp Phe Leu Tyr	Thr Ile Lys Asn Pro	
15595	15600	15605	
tgt gta agc ttc ttt	gga ccc tca gca aac	cca agt aca cgc gag	85701
Cys Val Ser Phe Phe	Gly Pro Ser Ala Asn	Pro Ser Thr Arg Glu	
15610	15615	15620	
gcc tta ata acg gat	cac gtt gaa tgg aaa	cgt tta gga ttt aaa	85746
Ala Leu Ile Thr Asp	His Val Glu Trp Lys	Arg Leu Gly Phe Lys	
15625	15630	15635	
ggt ggg agg gcc ctt	aca gaa ctc gac gcc	cat cat ttg ggc ctc	85791
Gly Gly Arg Ala Leu	Thr Glu Leu Asp Ala	His His Leu Gly Leu	
15640	15645	15650	
aat cgg aca atc tca	tcc cga gtg tgg gta	ttt aat gat ccg gac	85836
Asn Arg Thr Ile Ser	Ser Arg Val Trp Val	Phe Asn Asp Pro Asp	
15655	15660	15665	
ata caa aag ggg aca	att aca acc att gca	tgg gcc act gga gat	85881
Ile Gln Lys Gly Thr	Ile Thr Thr Ile Ala	Trp Ala Thr Gly Asp	
15670	15675	15680	
acg gct ctt caa att	cct gta ttt gcc aat	ccg cgg cac gct aac	85926
Thr Ala Leu Gln Ile	Pro Val Phe Ala Asn	Pro Arg His Ala Asn	
15685	15690	15695	
ttt aaa caa att gcc	gta caa acc tat gta	tta tcc ggt tac ttt	85971
Phe Lys Gln Ile Ala	Val Gln Thr Tyr Val	Leu Ser Gly Tyr Phe	
15700	15705	15710	
cca gcg cta aaa cta	cgg ccc ttc ctt gtc	acc ttt ata gga cgt	86016
Pro Ala Leu Lys Leu	Arg Pro Phe Leu Val	Thr Phe Ile Gly Arg	
15715	15720	15725	
gtg cgc cga cca cac	gag gtg gga gtc cca	ttg cgc gtc gat aca	86061

Val Arg Arg Pro His	Glu Val Gly Val Pro	Leu Arg Val Asp Thr	
15730	15735	15740	
caa gcg gct gcc att	tac gaa tat aac tgg	ccg act atc cca ccc	86106
Gln Ala Ala Ala Ile	Tyr Glu Tyr Asn Trp	Pro Thr Ile Pro Pro	
15745	15750	15755	
cac tgt gcg gtt ccg	gtt ata gcc gtt cta	acg cct atc gaa gtt	86151
His Cys Ala Val Pro	Val Ile Ala Val Leu	Thr Pro Ile Glu Val	
15760	15765	15770	
gat gtg cct aga gtg	aca caa ata ctt aaa	gac aca gga aac aac	86196
Asp Val Pro Arg Val	Thr Gln Ile Leu Lys	Asp Thr Gly Asn Asn	
15775	15780	15785	
gcg att aca tca gca	ttg cgg tca ttg cga	tggtgac aat ctt cat	86241
Ala Ile Thr Ser Ala	Leu Arg Ser Leu Arg	Trp Asp Asn Leu His	
15790	15795	15800	
cca gcg gtc gag gag	gaa tct gtg gat tgt	gca aac ggt aca acg	86286
Pro Ala Val Glu Glu	Glu Ser Val Asp Cys	Ala Asn Gly Thr Thr	
15805	15810	15815	
agc ttg tta cgt gca	acg gag aaa ccg ttg	ctt tga actcagagtt	86332
Ser Leu Leu Arg Ala	Thr Glu Lys Pro Leu	Leu	
15820	15825		
ctttgaagac tttgactttg	atgagaatgt aacagaggac	gccgataaat ccacacaacg	86392
ccgccccacga gtgatcgatg	taacaccaaaa acgaaaacct	tcgggaaaga gtcgccattc	86452
caaatgcgca aaatgttaaa	ccctgataaaa ccctgataaa	cggttctaata aaaacatcaa	86512
atcatgggttg gttactgtga	atgtttgttt tattgcttgg	gggtttacaa gtacaaccca	86572
cgctactccc acccactgtt	tgatcgctcg tataacagct	catcctcgcg gtccgtttca	86632
tatgttgagt cattttcata	gacgtagccg tagccttgtg	atgggtaatt tgtgcggcga	86692
gaattttctat gtgcaggttt	tacttttcgt atgtatcccc	gtaccgctc gggtactctt	86752
cttacggcac cgtagaacg	actgcgtttc tgtcgatgat	acacatatgc acgcatcaat	86812
ctgagaagca acatgacaac	ggaaaacacg gccaggcaag	ccaaggttcc ccgagttgtg	86872
ggaattaacc gtggagattg	aaccgatata gggtcatata	atcggtccat atacgagtgc	86932
gcggcggttc ccaacgtagc	acaggccacg agcgttccca	gggacggtcc tattaacacg	86992
tgtatataat gcgccaaaat	taattctgat actataagat	atacaactga caatgtacta	87052

aatgtagaca tggccacgga caccgatgac cacagtcccg tatgtagatg attcgccacc 87112
acaagttcca gcattaatga tacaatatagg atacatatcg ccatcaacgc agccatcaaa 87172
ttcacgaaca ctgcgcgcgt aggccccgca aggcgatata aaaagacgct ctgctgtcgt 87232
aaatttgcga ccgcttttat gticgtttcg tccaattttc cgcgtccaca aaaatacgtt 87292
gtaaataatta cacttgtcgc aaaatgtcca agatataatg tagcagccac gccgatttgc 87352
ttgtaagcta ataataacac aacggcggtt aataaccaca atgacaaaag accccaaaaa 87412
agtgttgtgg gatctacaac taaccatgca acaccggagc tttgccggac acgttgattt 87472
ttcgtttctc ggtgtataat cgcggccgtg atcagtgtat ataccgcat ggccattgcc 87532
gttaaagccg ttagtaagt aaatgccaca acgctatgtg gttccaaaaa caaaaccggg 87592
gcgctgtatc cacctctatt tccggaccat acccccccat ctaggttggc gttaaataac 87652
tcataatcaa ctacggcagc ataaaaacaa gggatcccgg tatattcaga agaggcggca 87712
attaacgtag ccaggagcat taccgcaccc aaagtgaaca tcatcacctg aattatccaa 87772
attcgccaat taagcgtatc catttgatga tctaacgctt ccacctcggg tgtcgtggtg 87832
tcgtacggcg agactttttc agaacgcggc cccttctttt gagttccc atg tct ccc 87889
Met Ser Pro

aac acc ggg gag agc aac gcc gcc gtc tat gcg tcc agt aca cag 87934
Asn Thr Gly Glu Ser Asn Ala Ala Val Tyr Ala Ser Ser Thr Gln
15830 15835 15840

ctc gcg cgg gcg tta tat gga ggg gat ctg gtt tcg tgg att aaa 87979
Leu Ala Arg Ala Leu Tyr Gly Gly Asp Leu Val Ser Trp Ile Lys
15845 15850 15855

cac acc cac ccg gga att agc ctg gaa ctg caa ttg gat gtt cca 88024
His Thr His Pro Gly Ile Ser Leu Glu Leu Gln Leu Asp Val Pro
15860 15865 15870

gta aaa cta ata aaa cct ggt atg tca caa act cgc ccg gta acc 88069
Val Lys Leu Ile Lys Pro Gly Met Ser Gln Thr Arg Pro Val Thr
15875 15880 15885

gtc gta cgt gcc cct atg ggc tct ggt aaa aca aca gcc ttg ctt 88114
Val Val Arg Ala Pro Met Gly Ser Gly Lys Thr Thr Ala Leu Leu
15890 15895 15900

gag	tgg	ctt	caa	cac	gcg	tta	aag	gca	gat	att	agc	gta	ctg	gtt	88159
Glu	Trp	Leu	Gln	His	Ala	Leu	Lys	Ala	Asp	Ile	Ser	Val	Leu	Val	
15905					15910					15915					
gtc	tca	tgt	cgc	cgt	agc	ttt	acc	cag	acg	ttg	att	caa	cgg	ttt	88204
Val	Ser	Cys	Arg	Arg	Ser	Phe	Thr	Gln	Thr	Leu	Ile	Gln	Arg	Phe	
15920					15925					15930					
aac	gat	gca	ggc	ctc	tcc	gga	ttc	gta	aca	tat	ttg	aca	tcc	gag	88249
Asn	Asp	Ala	Gly	Leu	Ser	Gly	Phe	Val	Thr	Tyr	Leu	Thr	Ser	Glu	
15935					15940					15945					
aca	tat	att	atg	ggc	ttt	aaa	cgt	ttg	att	gtg	caa	ctt	gaa	agc	88294
Thr	Tyr	Ile	Met	Gly	Phe	Lys	Arg	Leu	Ile	Val	Gln	Leu	Glu	Ser	
15950					15955					15960					
cta	cac	cgc	gta	tcc	agc	gaa	gct	atc	gac	agc	tac	gac	gta	tta	88339
Leu	His	Arg	Val	Ser	Ser	Glu	Ala	Ile	Asp	Ser	Tyr	Asp	Val	Leu	
15965					15970					15975					
ata	ctg	gat	gag	gta	atg	tca	gtg	att	gga	caa	tta	tac	tcc	ccc	88384
Ile	Leu	Asp	Glu	Val	Met	Ser	Val	Ile	Gly	Gln	Leu	Tyr	Ser	Pro	
15980					15985					15990					
aca	atg	aga	cgt	ctt	tcc	gcg	gtt	gat	agc	cta	tta	tat	cgt	ctt	88429
Thr	Met	Arg	Arg	Leu	Ser	Ala	Val	Asp	Ser	Leu	Leu	Tyr	Arg	Leu	
15995					16000					16005					
tta	aat	cgc	tgt	tct	caa	att	atc	gcg	atg	gat	gct	aca	gta	aac	88474
Leu	Asn	Arg	Cys	Ser	Gln	Ile	Ile	Ala	Met	Asp	Ala	Thr	Val	Asn	
16010					16015					16020					
tcg	cag	ttt	att	gat	tta	atc	tcc	gga	ttg	cgt	gga	gat	gaa	aac	88519
Ser	Gln	Phe	Ile	Asp	Leu	Ile	Ser	Gly	Leu	Arg	Gly	Asp	Glu	Asn	
16025					16030					16035					
ata	cac	aca	att	gtg	tgt	aca	tac	gcg	gga	gtt	ggg	ttc	tcc	gga	88564
Ile	His	Thr	Ile	Val	Cys	Thr	Tyr	Ala	Gly	Val	Gly	Phe	Ser	Gly	
16040					16045					16050					
aga	act	tgc	acg	atc	ctg	cgt	gat	atg	ggc	atc	gac	acg	ctt	gtg	88609
Arg	Thr	Cys	Thr	Ile	Leu	Arg	Asp	Met	Gly	Ile	Asp	Thr	Leu	Val	
16055					16060					16065					
cga	gtc	att	aaa	cga	tct	cct	gaa	cac	gag	gat	gta	cgt	acc	ata	88654
Arg	Val	Ile	Lys	Arg	Ser	Pro	Glu	His	Glu	Asp	Val	Arg	Thr	Ile	
16070					16075					16080					
cac	caa	cta	cgt	gga	aca	ttt	ttt	gac	gaa	cta	gca	cta	cga	tta	88699

His 16085	Gln	Leu	Arg	Gly	Thr 16090	Phe	Phe	Asp	Glu	Leu 16095	Ala	Leu	Arg	Leu	
caa	tgt	ggg	cat	aac	atc	tgt	ata	ttt	tca	tca	act	tta	tcg	ttt	88744
Gln 16100	Cys	Gly	His	Asn	Ile 16105	Cys	Ile	Phe	Ser	Ser 16110	Thr	Leu	Ser	Phe	
tcg	gag	cta	gtt	gct	cag	ttt	tgt	gca	ata	ttt	aca	gac	tct	att	88789
Ser 16115	Glu	Leu	Val	Ala	Gln 16120	Phe	Cys	Ala	Ile	Phe 16125	Thr	Asp	Ser	Ile	
ctt	att	tta	aac	tca	act	cgg	ccc	cta	tgt	aat	gta	aac	gaa	tgg	88834
Leu 16130	Ile	Leu	Asn	Ser	Thr 16135	Arg	Pro	Leu	Cys	Asn 16140	Val	Asn	Glu	Trp	
aaa	cat	ttt	cgc	gtg	ttg	gtg	tac	act	acc	gtc	gtg	acc	gtt	gga	88879
Lys 16145	His	Phe	Arg	Val	Leu 16150	Val	Tyr	Thr	Thr	Val 16155	Val	Thr	Val	Gly	
ttg	agt	ttt	gac	atg	gct	cat	ttt	cat	agc	atg	ttt	gct	tac	ata	88924
Leu 16160	Ser	Phe	Asp	Met	Ala 16165	His	Phe	His	Ser	Met 16170	Phe	Ala	Tyr	Ile	
aag	cca	atg	tca	tat	ggg	ccg	gat	atg	gta	tcg	gtc	tac	cag	tca	88969
Lys 16175	Pro	Met	Ser	Tyr	Gly 16180	Pro	Asp	Met	Val	Ser 16185	Val	Tyr	Gln	Ser	
tta	ggg	cgt	gta	cgt	tta	ttg	cta	ctt	aat	gaa	gtt	ttg	atg	tac	89014
Leu 16190	Gly	Arg	Val	Arg	Leu 16195	Leu	Leu	Leu	Asn	Glu 16200	Val	Leu	Met	Tyr	
gtc	gat	ggc	tca	agg	acc	aga	tgc	gga	ccc	ctg	ttc	tcg	cca	atg	89059
Val 16205	Asp	Gly	Ser	Arg	Thr 16210	Arg	Cys	Gly	Pro	Leu 16215	Phe	Ser	Pro	Met	
tta	cta	aac	ttt	acc	atc	gca	aat	aaa	ttt	caa	tgg	ttt	cct	aca	89104
Leu 16220	Leu	Asn	Phe	Thr	Ile 16225	Ala	Asn	Lys	Phe	Gln 16230	Trp	Phe	Pro	Thr	
cac	acc	caa	ata	act	aac	aaa	ctg	tgc	tgt	gca	ttt	agg	caa	cga	89149
His 16235	Thr	Gln	Ile	Thr	Asn 16240	Lys	Leu	Cys	Cys	Ala 16245	Phe	Arg	Gln	Arg	
tgt	gca	aat	gca	ttt	aca	cgc	tcg	aac	acc	cat	ctc	ttc	tca	aga	89194
Cys 16250	Ala	Asn	Ala	Phe	Thr 16255	Arg	Ser	Asn	Thr	His 16260	Leu	Phe	Ser	Arg	
ttt	aaa	tac	aaa	cac	ctt	ttc	gag	aga	tgc	tct	ctt	tgg	agt	tta	89239
Phe 16265	Lys	Tyr	Lys	His	Leu 16270	Phe	Glu	Arg	Cys	Ser 16275	Leu	Trp	Ser	Leu	

gcc	gat	agc	att	aat	atc	tta	caa	act	ctt	ttg	gcc	tct	aac	caa	89284
Ala	Asp	Ser	Ile	Asn	Ile	Leu	Gln	Thr	Leu	Leu	Ala	Ser	Asn	Gln	
16280					16285					16290					
att	ttg	ggt	gta	ttg	gat	ggc	atg	ggt	cca	ata	acg	gac	ggt	tcc	89329
Ile	Leu	Val	Val	Leu	Asp	Gly	Met	Gly	Pro	Ile	Thr	Asp	Val	Ser	
16295					16300					16305					
cca	ggt	caa	ttt	tgt	gca	ttt	ata	cac	gat	ctc	aga	cat	agc	gct	89374
Pro	Val	Gln	Phe	Cys	Ala	Phe	Ile	His	Asp	Leu	Arg	His	Ser	Ala	
16310					16315					16320					
aac	gcc	gta	gct	tcc	tgt	atg	cgt	tct	ctt	aga	cag	gac	aat	gac	89419
Asn	Ala	Val	Ala	Ser	Cys	Met	Arg	Ser	Leu	Arg	Gln	Asp	Asn	Asp	
16325					16330					16335					
agc	tgc	ttg	acc	gat	ttt	ggc	cct	tcc	gga	ttt	atg	gcc	gat	aac	89464
Ser	Cys	Leu	Thr	Asp	Phe	Gly	Pro	Ser	Gly	Phe	Met	Ala	Asp	Asn	
16340					16345					16350					
att	acc	gcg	ttt	atg	gaa	aag	tat	ctt	atg	gag	tca	att	aat	acc	89509
Ile	Thr	Ala	Phe	Met	Glu	Lys	Tyr	Leu	Met	Glu	Ser	Ile	Asn	Thr	
16355					16360					16365					
gaa	gaa	caa	att	aaa	gta	ttt	aaa	gcc	ctt	gca	tgt	cca	ata	gaa	89554
Glu	Glu	Gln	Ile	Lys	Val	Phe	Lys	Ala	Leu	Ala	Cys	Pro	Ile	Glu	
16370					16375					16380					
cag	cct	aga	cta	gtc	aat	acg	gca	ata	ttg	ggg	gcg	tgt	ata	cga	89599
Gln	Pro	Arg	Leu	Val	Asn	Thr	Ala	Ile	Leu	Gly	Ala	Cys	Ile	Arg	
16385					16390					16395					
ata	cct	gaa	gcg	ttg	gaa	gca	ttt	gac	gta	ttt	caa	aaa	ata	tac	89644
Ile	Pro	Glu	Ala	Leu	Glu	Ala	Phe	Asp	Val	Phe	Gln	Lys	Ile	Tyr	
16400					16405					16410					
acg	cac	tac	gct	tcc	ggt	tgg	ttt	ccc	gtc	ctg	gac	aaa	acc	ggg	89689
Thr	His	Tyr	Ala	Ser	Gly	Trp	Phe	Pro	Val	Leu	Asp	Lys	Thr	Gly	
16415					16420					16425					
gaa	ttt	agc	atc	gcg	act	ata	act	acc	gcc	cca	aat	tta	acc	aca	89734
Glu	Phe	Ser	Ile	Ala	Thr	Ile	Thr	Thr	Ala	Pro	Asn	Leu	Thr	Thr	
16430					16435					16440					
cat	tgg	gag	ctg	ttt	cgc	cgt	tgt	gcc	tat	att	gca	aaa	aca	ctc	89779
His	Trp	Glu	Leu	Phe	Arg	Arg	Cys	Ala	Tyr	Ile	Ala	Lys	Thr	Leu	
16445					16450					16455					
aag	tgg	aat	ccg	tcc	acc	gaa	ggc	tgt	gta	aca	caa	ggt	ttg	gat	89824

Lys 16460	Trp	Asn	Pro	Ser	Thr 16465	Glu	Gly	Cys	Val	Thr 16470	Gln	Val	Leu	Asp	
acg	gac	att	aat	aca	ctt	ttc	aat	caa	cac	ggg	gat	tcg	ctg	gct	89869
Thr 16475	Asp	Ile	Asn	Thr	Leu 16480	Phe	Asn	Gln	His	Gly 16485	Asp	Ser	Leu	Ala	
caa 16490	cta	ata	ttt	gag	gtt 16495	atg	cgc	tgt	aac	gtt 16500	act	gac	gct	aag	89914
Gln	Leu	Ile	Phe	Glu	Val	Met	Arg	Cys	Asn	Val	Thr	Asp	Ala	Lys	
att 16505	ata	tta	aac	cgc	ccg 16510	gtt	tgg	cga	aca	acc 16515	gga	ttc	tta	gat	89959
Ile	Ile	Leu	Asn	Arg	Pro	Val	Trp	Arg	Thr	Thr	Gly	Phe	Leu	Asp	
gga 16520	tgc	cat	aat	caa	tgc 16525	ttc	cgt	cca	atc	cct 16530	aca	aaa	cac	gaa	90004
Gly	Cys	His	Asn	Gln	Cys	Phe	Arg	Pro	Ile	Pro	Thr	Lys	His	Glu	
tat 16535	aac	att	gct	cta	ttt 16540	cgt	tta	att	tgg	gaa 16545	caa	tta	ttt	ggc	90049
Tyr	Asn	Ile	Ala	Leu	Phe	Arg	Leu	Ile	Trp	Glu	Gln	Leu	Phe	Gly	
gcc 16550	cgc	gta	act	aaa	agt 16555	acc	cag	acc	ttt	ccg 16560	gga	agt	act	cgt	90094
Ala	Arg	Val	Thr	Lys	Ser	Thr	Gln	Thr	Phe	Pro	Gly	Ser	Thr	Arg	
gtg 16565	aaa	aac	cta	aaa	aaa 16570	aaa	gat	cta	gaa	act 16575	tta	ctt	gat	tca	90139
Val	Lys	Asn	Leu	Lys	Lys	Lys	Asp	Leu	Glu	Thr	Leu	Leu	Asp	Ser	
att 16580	aac	gtg	gat	cgt	tct 16585	gca	tgt	cgt	acc	tac 16590	cgc	cag	ttg	tat	90184
Ile	Asn	Val	Asp	Arg	Ser	Ala	Cys	Arg	Thr	Tyr	Arg	Gln	Leu	Tyr	
aac 16595	ctg	ctt	atg	agc	cag 16600	cgc	cat	tcg	ttc	tct 16605	caa	cag	cgt	tac	90229
Asn	Leu	Leu	Met	Ser	Gln	Arg	His	Ser	Phe	Ser	Gln	Gln	Arg	Tyr	
aaa 16610	att	act	gcc	ccc	gct 16615	tgg	gca	cgc	cac	gtg 16620	tat	ttt	caa	gca	90274
Lys	Ile	Thr	Ala	Pro	Ala	Trp	Ala	Arg	His	Val	Tyr	Phe	Gln	Ala	
cat 16625	caa	atg	cac	ttg	gcc 16630	ccg	cat	gcc	gaa	gcc 16635	atg	cta	caa	tta	90319
His	Gln	Met	His	Leu	Ala	Pro	His	Ala	Glu	Ala	Met	Leu	Gln	Leu	
gcg 16640	cta	tcg	gaa	ctg	tcc 16645	ccg	gga	tcg	tgg	ccg 16650	cgg	ata	aac	ggg	90364
Ala	Leu	Ser	Glu	Leu	Ser	Pro	Gly	Ser	Trp	Pro	Arg	Ile	Asn	Gly	

gcg gta aat ttt gaa agt tta taa cccgtaata ccatatatgg 90408
 Ala Val Asn Phe Glu Ser Leu
 16655 16660

acatccatag ggggggttac ataaatacta agcctctgta caacacaaag ggcctctaac 90468

aatgcactga accacaacca agct atg gac gca acg cag att acc ttg 90516
 Met Asp Ala Thr Gln Ile Thr Leu
 16665

gtt aga gaa agc gga cac att tgt gcc gca agc ata tac aca tcc 90561
 Val Arg Glu Ser Gly His Ile Cys Ala Ala Ser Ile Tyr Thr Ser
 16670 16675 16680

tgg aca cag tcc gga caa tta aca cag aac ggt ctt tcc gtg tta 90606
 Trp Thr Gln Ser Gly Gln Leu Thr Gln Asn Gly Leu Ser Val Leu
 16685 16690 16695

tac tac tta tta tgc aaa aac tca tgt ggg aaa tac gtc cct aag 90651
 Tyr Tyr Leu Leu Cys Lys Asn Ser Cys Gly Lys Tyr Val Pro Lys
 16700 16705 16710

ttt gcc gaa att acc gta caa caa gag gat tta tgt cgc tac tcc 90696
 Phe Ala Glu Ile Thr Val Gln Gln Glu Asp Leu Cys Arg Tyr Ser
 16715 16720 16725

agg cat ggg ggg agt gtt tct gcg gca acg ttt gcg tct atc tgc 90741
 Arg His Gly Gly Ser Val Ser Ala Ala Thr Phe Ala Ser Ile Cys
 16730 16735 16740

agg gcg gcg tcc tcg gct gcg tta gac gcc tgg ccc ctt gaa cca 90786
 Arg Ala Ala Ser Ser Ala Ala Leu Asp Ala Trp Pro Leu Glu Pro
 16745 16750 16755

ctg ggt aac gca gac acc tgg cgt tgt ctc cat ggc act gcc ctg 90831
 Leu Gly Asn Ala Asp Thr Trp Arg Cys Leu His Gly Thr Ala Leu
 16760 16765 16770

gcc act tta cgg cgc gta tta ggg ttt aaa tcg ttt tat tcg cca 90876
 Ala Thr Leu Arg Arg Val Leu Gly Phe Lys Ser Phe Tyr Ser Pro
 16775 16780 16785

gta aca ttc gag act gat acg aat aca ggt ctt ctg tta aaa aca 90921
 Val Thr Phe Glu Thr Asp Thr Asn Thr Gly Leu Leu Leu Lys Thr
 16790 16795 16800

atc ccc gat gaa cac gcg ttg aat aat gac aac acg cca tct acc 90966
 Ile Pro Asp Glu His Ala Leu Asn Asn Asp Asn Thr Pro Ser Thr
 16805 16810 16815

gga Gly 16820	gta ttg agg gct aat Val Leu Arg Ala Asn 16825	ttt ccc gtg gcc att Phe Pro Val Ala Ile 16830	gat gtt tca gca Asp Val Ser Ala	91011
gtc Val 16835	agc gca tgt aac gcc Ser Ala Cys Asn Ala 16840	cac acg caa ggt acg His Thr Gln Gly Thr 16845	tcg cta gcc tac Ser Leu Ala Tyr	91056
gcc Ala 16850	cgc ctg acc gca ctt Arg Leu Thr Ala Leu 16855	aaa tct aac ggt gac Lys Ser Asn Gly Asp 16860	acc cag caa caa Thr Gln Gln Gln	91101
aca Thr 16865	cct tta gac gtg gag Pro Leu Asp Val Glu 16870	gta att aca cca aag Val Ile Thr Pro Lys 16875	gcc tac ata cgt Ala Tyr Ile Arg	91146
cgg Arg 16880	aaa tat aag tct acg Lys Tyr Lys Ser Thr 16885	ttt tcc ccc cct ata Phe Ser Pro Pro Ile 16890	gag cgg gaa ggc Glu Arg Glu Gly	91191
caa Gln 16895	acc tcc gat ttg ttt Thr Ser Asp Leu Phe 16900	aac ctt gaa gaa cgc Asn Leu Glu Glu Arg 16905	cgc ttg gtt ctt Arg Leu Val Leu	91236
agt Ser 16910	ggc aat cgc gca att Gly Asn Arg Ala Ile 16915	gtg gta agg gta ctc Val Val Arg Val Leu 16920	tta ccg tgt tat Leu Pro Cys Tyr	91281
ttt Phe 16925	gac tgt tta aca acg Asp Cys Leu Thr Thr 16930	gat tcc acc gtt aca Asp Ser Thr Val Thr 16935	tct tcc ctt tca Ser Ser Leu Ser	91326
ata Ile 16940	tta gca aca tat aga Leu Ala Thr Tyr Arg 16945	ctg tgg tac gcg gcg Leu Trp Tyr Ala Ala 16950	gcg ttt gga aaa Ala Phe Gly Lys	91371
ccc Pro 16955	ggg gtt gtc cgt cca Gly Val Val Arg Pro 16960	atc ttt gcg tat tta Ile Phe Ala Tyr Leu 16965	ggc ccg gaa ctc Gly Pro Glu Leu	91416
aat Asn 16970	ccg aag ggt gaa gac Pro Lys Gly Glu Asp 16975	aga gac tac ttt tgt Arg Asp Tyr Phe Cys 16980	act gtc gga ttt Thr Val Gly Phe	91461
ccc Pro 16985	gga tgg acc act ctt Gly Trp Thr Thr Leu 16990	cgg aca caa act cca Arg Thr Gln Thr Pro 16995	gcc gtc gaa tct Ala Val Glu Ser	91506
att	cgc acg gct acg gag	atg tac atg gaa acg	gat ggg ttg tgg	91551

Ile 17000	Arg Thr Ala Thr Glu 17005	Met Tyr Met Glu Thr 17010	Asp Gly Leu Trp	
cca Pro 17015	gta acc ggt att cag Val Thr Gly Ile Gln 17020	gcc ttt cat tat cta Ala Phe His Tyr Leu 17025	gcc ccc tgg gga Ala Pro Trp Gly	91596
cag Gln 17030	cat ccc ccc tta cct His Pro Pro Leu Pro 17035	ccg cgg gtg cag gat Pro Arg Val Gln Asp 17040	ctt att ggg caa Leu Ile Gly Gln	91641
atc Ile 17045	cct caa gat act gga Pro Gln Asp Thr Gly 17050	cat gca gat gca act His Ala Asp Ala Thr 17055	gtc aat tgg gac Val Asn Trp Asp	91686
gcg Ala 17060	ggc cgg ata tct acc Gly Arg Ile Ser Thr 17065	gtc ttc aaa cag cct Val Phe Lys Gln Pro 17070	gta caa cta caa Val Gln Leu Gln	91731
gat Asp 17075	cgt tgg atg gca aag Arg Trp Met Ala Lys 17080	ttt gat ttc agc gcc Phe Asp Phe Ser Ala 17085	ttt ttt ccc acg Phe Phe Pro Thr	91776
ata Ile 17090	tac tgc gct atg ttc Tyr Cys Ala Met Phe 17095	ccc atg cat ttt aga Pro Met His Phe Arg 17100	tta ggc aaa atc Leu Gly Lys Ile	91821
gtc Val 17105	ctg gct aga atg cgt Leu Ala Arg Met Arg 17110	cga gga atg ggg tgc Arg Gly Met Gly Cys 17115	cta aaa ccc gcg Leu Lys Pro Ala	91866
ttg Leu 17120	gtg tct ttt ttt ggg Val Ser Phe Phe Gly 17125	ggg tta cgg cac ata Gly Leu Arg His Ile 17130	ctc ccg agt ata Leu Pro Ser Ile	91911
tac Tyr 17135	aaa gct att att ttt Lys Ala Ile Ile Phe 17140	ata gcc aat gaa att Ile Ala Asn Glu Ile 17145	agc ctt tgc gtc Ser Leu Cys Val	91956
gaa Glu 17150	caa acg gcc ttg gaa Gln Thr Ala Leu Glu 17155	cag ggc ttt gct ata Gln Gly Phe Ala Ile 17160	tgt act tat ata Cys Thr Tyr Ile	92001
aaa Lys 17165	gat gga ttt tgg gga Asp Gly Phe Trp Gly 17170	atc ttc acc gat tta Ile Phe Thr Asp Leu 17175	cat acg cgc aat His Thr Arg Asn	92046
gta Val 17180	tgt tca gat cag gca Cys Ser Asp Gln Ala 17185	cgt tgt tcg gcc tta Arg Cys Ser Ala Leu 17190	aat tta gcg gcc Asn Leu Ala Ala	92091

acc	tgc	gaa	aga	gca	gtc	acg	ggc	tta	tta	cga	att	caa	cta	ggt	92136
Thr	Cys	Glu	Arg	Ala	Val	Thr	Gly	Leu	Leu	Arg	Ile	Gln	Leu	Gly	
17195					17200					17205					
ctt	aac	ttt	aca	ccc	gcc	atg	gaa	ccg	gta	ctc	cgg	gtc	gag	ggt	92181
Leu	Asn	Phe	Thr	Pro	Ala	Met	Glu	Pro	Val	Leu	Arg	Val	Glu	Gly	
17210					17215					17220					
gtg	tac	act	cac	gca	ttt	acc	tgg	tgt	acc	acg	gga	agc	tgg	ctg	92226
Val	Tyr	Thr	His	Ala	Phe	Thr	Trp	Cys	Thr	Thr	Gly	Ser	Trp	Leu	
17225					17230					17235					
tgg	aat	tta	caa	aca	aac	acg	cct	ccg	gat	tta	gtt	ggc	gtg	cca	92271
Trp	Asn	Leu	Gln	Thr	Asn	Thr	Pro	Pro	Asp	Leu	Val	Gly	Val	Pro	
17240					17245					17250					
tgg	cga	agt	cag	gcg	gcg	cga	gat	tta	aag	gag	cgt	ctt	tca	gga	92316
Trp	Arg	Ser	Gln	Ala	Ala	Arg	Asp	Leu	Lys	Glu	Arg	Leu	Ser	Gly	
17255					17260					17265					
ctc	cta	tgt	acc	gca	aca	aaa	att	cga	gaa	cgg	ata	cag	gaa	aat	92361
Leu	Leu	Cys	Thr	Ala	Thr	Lys	Ile	Arg	Glu	Arg	Ile	Gln	Glu	Asn	
17270					17275					17280					
tgc	ata	tgg	gac	cat	gtc	cta	tac	gac	ata	tgg	gcc	gga	caa	gtt	92406
Cys	Ile	Trp	Asp	His	Val	Leu	Tyr	Asp	Ile	Trp	Ala	Gly	Gln	Val	
17285					17290					17295					
gtg	gag	gct	gcc	aga	aaa	aca	tac	gtc	gat	ttt	ttt	gaa	cat	gtt	92451
Val	Glu	Ala	Ala	Arg	Lys	Thr	Tyr	Val	Asp	Phe	Phe	Glu	His	Val	
17300					17305					17310					
ttt	gat	cgc	cgt	tat	act	ccg	gta	tac	tgg	agt	ctt	cag	gag	caa	92496
Phe	Asp	Arg	Arg	Tyr	Thr	Pro	Val	Tyr	Trp	Ser	Leu	Gln	Glu	Gln	
17315					17320					17325					
aat	tcg	gaa	aca	aaa	gca	ata	ccg	gca	tct	tat	ctg	aca	tac	gga	92541
Asn	Ser	Glu	Thr	Lys	Ala	Ile	Pro	Ala	Ser	Tyr	Leu	Thr	Tyr	Gly	
17330					17335					17340					
cac	atg	caa	gat	aag	gat	tat	aaa	cca	aga	cag	ata	att	atg	gtt	92586
His	Met	Gln	Asp	Lys	Asp	Tyr	Lys	Pro	Arg	Gln	Ile	Ile	Met	Val	
17345					17350					17355					
cgt	aat	ccc	aac	cca	cat	gga	cct	cct	act	gtt	gtt	tac	tgg	gaa	92631
Arg	Asn	Pro	Asn	Pro	His	Gly	Pro	Pro	Thr	Val	Val	Tyr	Trp	Glu	
17360					17365					17370					
ttg	cta	cca	tcg	tgt	gcc	tgt	att	ccc	ccc	ata	gac	tgc	gct	gct	92676

Leu 17375	Leu Pro Ser Cys 17380	Ala 17385	Cys Ile Pro Pro 17385	Ile 17385	Asp Cys Ala Ala	
cat 17390	ctc aag ccc ctt 17395	ata 17395	cac acg ttt gtc 17400	act 17400	att att aac cat 17400	92721
His 17390	Leu Lys Pro Leu 17395	Ile 17395	His Thr Phe Val 17400	Thr 17400	Ile Ile Asn His 17400	
ctt 17405	cta gat gct cat 17410	aat 17410	gat ttt tca agt 17415	cca 17415	tca ttg aaa ttt 17415	92766
Leu 17405	Leu Asp Ala His 17410	Asn 17410	Asp Phe Ser Ser 17415	Pro 17415	Ser Leu Lys Phe 17415	
act 17420	gac gat ccc ctt 17425	gct 17425	tca tat aac ttc 17430	ttg 17430	ttt tta tga 17430	92808
Thr 17420	Asp Asp Pro Leu 17425	Ala 17425	Ser Tyr Asn Phe 17430	Leu 17430	Phe Leu 17430	
caaaaaaaca cgccgcaaca acccatcctt aaaataaaag gtttatattac tttaacaacc						92868
gtgggtgaatt tttatacgtt tcaaataact gaacatTTTT cggtgttacc atgggtgcgat						92928
ttaaccacca aaaatatag ctcttctgat attccgaatc tcgtaaaggt ccatttaaca						92988
atccccggggg tacttgcacc acaccatctg gacagggggg ggttccgtgg ggcagggtcaa						93048
aacgttgacc caccacacat gaatatatag cttttataat attggggggc gttccaggct						93108
gagggttcag taacttaaca aacatataat gcggcaatac gcgggttttt gtaaaggggt						93168
tgttatcaac gacatacatt agagtgttta acaaccataa aactccctca tataaaaacc						93228
gacgcatttt ttccaaaggt cctatttgac actcaacgcg tctaagatat acagacaatt						93288
gtacaaacag cgatggagat gccccggagg gcccaatgcc ttccagatac attaaaataa						93348
cacataaggt aaaatctagg acattatccg ggcggaatag agtcatccga tagattaaca						93408
ggcgcggagg caccaccacc gtatacacc tatcttcaac cgagttaat acggaaaaaa						93468
taaataccgcg gaacgctggt tgagtaacac actccatgta gtaacgatca caggacacct						93528
cacttgaatc accattcaac actactaaaa cggtctcttg gtgttccggt ttacgcgca						93588
gtgatacaac agagtttgcc aaaaagcgtg gcttcaaacc ggttacctcc cgcgcctcgc						93648
atacgaatct tggtattgct tgtattctaa gatcttcgat cacgtcgctc acatccaacc						93708
cctcttcggc tcgtgttagt aagttgtcga tcgttacgct gcaacctaaa atgctgggta						93768
tatttattcc ggacatccca tcggccatcc ccgcgcctcc ggtttgctcg aattttatcc						93828
agtaaggtcg aatccgctgc atttaccttg tgtaccgta acctctcagg ggggtgtcct						93888

ttcataaaat gggatagggtt tttatatcca acatgcatgt attgggttatt tatttttattg 93948
ggttccggga ttctttcgtc atcttctgta gggtcaggca aaccccagga aggacttggt 94008
gttctccgtg ggccccgttt tattacctct gcgcgaacct gcatttcata taatattcgg 94068
atttgggata aataggactc tgttctcgcc tttttaaaaa tagcctggca taactcttcc 94128
tctgacctat gtacctcgtt ttgagttacc aagaatccta atcgggtggc ccgtaatatg 94188
aatgaaaaat acggcgcaac tagtaatgag attgacgcat ttgaatatga tacagaaatt 94248
tcctggcctt gattattggt taccgggtga agcttaaaac agcgaacaag ttcctgtttc 94308
catagctcag acaaacgttt tatatcatct ccataagggg ggatataacg agattgaaaa 94368
ctattggcaa tatatgcac atcccctatt atgccggtaa gatctataac ctcgtgattt 94428
aaatcggcaa tacgtgtttc ttctgccatt gtaatatgtg accctttaga tggctttatt 94488
tttacctct cttcccgtaa ccgtttcagc tctccttctt tgaactggag cctttcggtc 94548
agatcgctgt tcacatcctt gagaccctca atggttttga ataaattatt cacataaccc 94608
tcgagcatgc cgttgatact gttaaccacc gaagttttta acgcactttg aacgtttggt 94668
gttccggaca ttgccccccc gttaaaggat tggttggcct tgccaaaccc cggtttgtgat 94728
gtgtccaccg atccacttcc ttccagaatg tgattgcccg tttcttctag ataggaacgt 94788
acggtttcgg taatatctcc aacatgtctc atgtttttta agttaactat tagctttaca 94848
agtctagacg cggccgatcc agcccgtgtt gtatcggtct cgccattat acgatcaacc 94908
gcacgtgtgc tgtgagatct atcatcttca ttccggcgac ctattaacac gcgcaaaggg 94968
gctgtattta aaacttggca gacgcgagca tgttcacgta atgcataaca ggccaacacc 95028
tccccagaaa gccgctgtaa gggtagtca aatactacac cctccccaca tacaacgggc 95088
ggccacacga ccaaacactc tcccttcatg cccgttacat catcctttgc cataattaat 95148
cttcggttat aattataata aagacgcgtc ctatcataat ccataatagc aacattttgc 95208
atacactcaa ctaggcttgt gacaaccgcc gtcctcttgg ccaacgttgc atcggcaact 95268
tttaacatct gggacagttc tgccgcttga cccatatacg tatttaatgg tgcaggggtt 95328
ccattctgtt ctgatcgta ctttcttaca acgggcacaa tacctacaca ggctatccag 95388

tccacgtatt	tggcaaaacc	gacccttcca	tttaaaccac	tggtatagag	acaaccggtt	95448
attccacgca	gaaactcaag	taacgatgac	tgtaatgttt	gacgccaggt	ttcaaaaacc	95508
tgatgtgcaa	gccgtacggc	ttctgattct	ccacatagcc	cataacgttc	cgctagagcc	95568
ccggcatgca	ggttacattg	ttggatgtgg	tggtcccaat	ctgctgctag	gtcctcatac	95628
cgagttgcat	ccaacgcgtt	catcaaaacg	gttgcctgaa	cttggcgaat	tacagtttcc	95688
gtagaccgta	cagcgctata	tatgccttgt	ccatcggtat	atccaaagtc	accggctagg	95748
atttttcgaa	acaacatact	ttgcgtgggt	gggtgtatta	acatccagcc	atcttcctcc	95808
ggaaatgtac	aaaaccctat	atccggggcg	tactcattcc	agtatatatc	gaacatgttc	95868
ttgtattggg	catttggggt	acttccattc	aagccctggg	caatagaaac	agaacttgct	95928
atcctttttt	cttcactacc	ggaactgtta	ttaaaaagag	acgttatttc	ggccattgaa	95988
aaccacg	atg aaa aga	tca att tct gta gac	agt tct tca ccc aaa	96034		
	Met Lys Arg	Ser Ile Ser Val Asp	Ser Ser Ser Pro Lys			
	17435	17440	17445			
aac gtt ttt aat cca	gag acg ccc aat gga	ttt gat gac agt gta	96079			
Asn Val Phe Asn Pro	Glu Thr Pro Asn Gly	Phe Asp Asp Ser Val				
	17450	17455	17460			
tat tta aac ttc acc	tct atg cat agc att	caa cct atc ctc tca	96124			
Tyr Leu Asn Phe Thr	Ser Met His Ser Ile	Gln Pro Ile Leu Ser				
	17465	17470	17475			
cgg att cga gaa ctt	gcc gca att acg att	cca aaa gaa cgt gtt	96169			
Arg Ile Arg Glu Leu	Ala Ala Ile Thr Ile	Pro Lys Glu Arg Val				
	17480	17485	17490			
ccg cgg ttg tgt tgg	ttt aaa cag tta ctc	gaa ctg caa gcg cct	96214			
Pro Arg Leu Cys Trp	Phe Lys Gln Leu Leu	Glu Leu Gln Ala Pro				
	17495	17500	17505			
cct gaa atg cag agg	aat gag ctc ccc ttc	tcc gtt tat tta att	96259			
Pro Glu Met Gln Arg	Asn Glu Leu Pro Phe	Ser Val Tyr Leu Ile				
	17510	17515	17520			
agc gga aat gcc ggc	tcc gga aaa agc acg	tgt atc caa acg ctt	96304			
Ser Gly Asn Ala Gly	Ser Gly Lys Ser Thr	Cys Ile Gln Thr Leu				
	17525	17530	17535			
aac gaa gct atc gat	tgc att att acc gga	tcc acc agg gtt gct	96349			

Asn Glu Ala Ile Asp 17540	Cys Ile Ile Thr Gly 17545	Ser Thr Arg Val Ala 17550	
gcc caa aat gtt cat Ala Gln Asn Val His 17555	gct aag tta tca acg Ala Lys Leu Ser Thr 17560	gct tat gcg agt cgt Ala Tyr Ala Ser Arg 17565	96394
ccg ata aac aca atc Pro Ile Asn Thr Ile 17570	ttt cat gaa ttt ggt Phe His Glu Phe Gly 17575	ttt cgc gga aat cac Phe Arg Gly Asn His 17580	96439
att cag gct cag ctg Ile Gln Ala Gln Leu 17585	ggc cgt tac gca tat Gly Arg Tyr Ala Tyr 17590	aac tgg act acg acc Asn Trp Thr Thr Thr 17595	96484
ccc cct tct att gag Pro Pro Ser Ile Glu 17600	gac ctg caa aaa aga Asp Leu Gln Lys Arg 17605	gat att gta tac tac Asp Ile Val Tyr Tyr 17610	96529
tgg gaa gtt tta att Trp Glu Val Leu Ile 17615	gat ata aca aaa cga Asp Ile Thr Lys Arg 17620	gtg ttt caa atg ggg Val Phe Gln Met Gly 17625	96574
gac gac ggt cgc gga Asp Asp Gly Arg Gly 17630	gga aca tcg aca ttt Gly Thr Ser Thr Phe 17635	aaa acc ctg tgg gca Lys Thr Leu Trp Ala 17640	96619
att gaa cgt ttg ctt Ile Glu Arg Leu Leu 17645	aat aaa cct aca ggc Asn Lys Pro Thr Gly 17650	tca atg tcc gga acc Ser Met Ser Gly Thr 17655	96664
gcg ttt atc gca tgc Ala Phe Ile Ala Cys 17660	ggc tcc ctt ccg gct Gly Ser Leu Pro Ala 17665	ttt acc cgg agc aac Phe Thr Arg Ser Asn 17670	96709
gtt att gtt att gat Val Ile Val Ile Asp 17675	gaa gca gga ttg cta Glu Ala Gly Leu Leu 17680	ggg cgt cat att ctc Gly Arg His Ile Leu 17685	96754
acg gcc gtt gtt tac Thr Ala Val Val Tyr 17690	tgt tgg tgg ctt ttg Cys Trp Trp Leu Leu 17695	aat gct ata tat caa Asn Ala Ile Tyr Gln 17700	96799
agc cct cag tac ata Ser Pro Gln Tyr Ile 17705	aac ggt cga aaa ccg Asn Gly Arg Lys Pro 17710	gtc ata gta tgc gtc Val Ile Val Cys Val 17715	96844
ggc tcg ccc acc caa Gly Ser Pro Thr Gln 17720	act gac tcg tta gaa Thr Asp Ser Leu Glu 17725	tct cat ttt caa cat Ser His Phe Gln His 17730	96889

gac atg cag cgt tca Asp Met Gln Arg Ser 17735	cac gta act cct agt His Val Thr Pro Ser 17740	gaa aat ata ctc acg Glu Asn Ile Leu Thr 17745	96934
tat ata atc tgc aat Tyr Ile Ile Cys Asn 17750	caa act ctg cgt caa Gln Thr Leu Arg Gln 17755	tat act aac atc tca Tyr Thr Asn Ile Ser 17760	96979
cat aac tgg gca atc His Asn Trp Ala Ile 17765	ttt att aat aac aaa Phe Ile Asn Asn Lys 17770	cga tgt caa gag gac Arg Cys Gln Glu Asp 17775	97024
gat ttt gga aat ctt Asp Phe Gly Asn Leu 17780	tta aaa acg ctt gag Leu Lys Thr Leu Glu 17785	tac ggg cta cct att Tyr Gly Leu Pro Ile 17790	97069
acc gaa gca cat gcg Thr Glu Ala His Ala 17795	cgt ctg gtc gat aca Arg Leu Val Asp Thr 17800	ttt gtt gta cct gca Phe Val Val Pro Ala 17805	97114
tcc tat att aac aat Ser Tyr Ile Asn Asn 17810	cct gct aat ctt ccc Pro Ala Asn Leu Pro 17815	gga tgg acg cgt ctg Gly Trp Thr Arg Leu 17820	97159
tat tcg tcg cat aag Tyr Ser Ser His Lys 17825	gag gtg agc gcg tat Glu Val Ser Ala Tyr 17830	atg agt aag tta cac Met Ser Lys Leu His 17835	97204
gcg cat tta aaa cta Ala His Leu Lys Leu 17840	tcg aaa aat gac cat Ser Lys Asn Asp His 17845	ttt tct gtg ttt gcc Phe Ser Val Phe Ala 17850	97249
tta ccg act tat aca Leu Pro Thr Tyr Thr 17855	ttc atc cgg cta acg Phe Ile Arg Leu Thr 17860	gca ttt gat gaa tac Ala Phe Asp Glu Tyr 17865	97294
cgc aaa tta acg gga Arg Lys Leu Thr Gly 17870	caa ccc gga ctt tct Gln Pro Gly Leu Ser 17875	gtt gaa cat tgg ata Val Glu His Trp Ile 17880	97339
cgg gca aac tcc ggt Arg Ala Asn Ser Gly 17885	cgt ttg cac aat tat Arg Leu His Asn Tyr 17890	tcc caa agc cga gat Ser Gln Ser Arg Asp 17895	97384
cat gac atg gga aca His Asp Met Gly Thr 17900	gtt aaa tac gaa aca Val Lys Tyr Glu Thr 17905	cat tca aat cgc gac His Ser Asn Arg Asp 17910	97429
tta att gta gcc cgt 17915	aca gac atc act tac 17920	gtg cta aat agt ctc 17925	97474

Leu Ile Val Ala Arg	Thr Asp Ile Thr Tyr	Val Leu Asn Ser Leu	
17915	17920	17925	
gta gtt gta acc aca	aga cta cgt aag tta	gtt att gga ttc agt	97519
Val Val Val Thr Thr	Arg Leu Arg Lys Leu	Val Ile Gly Phe Ser	
17930	17935	17940	
ggt aca ttt caa tcg	ttt gca aag gtt tta	cgt gac gac tcc ttt	97564
Gly Thr Phe Gln Ser	Phe Ala Lys Val Leu	Arg Asp Asp Ser Phe	
17945	17950	17955	
gtg aag gct cga gga	gag aca tcc atc gaa	tat gct tac cgg ttt	97609
Val Lys Ala Arg Gly	Glu Thr Ser Ile Glu	Tyr Ala Tyr Arg Phe	
17960	17965	17970	
ctg tca aac cta atc	ttt gga ggc ttg att	aac ttt tac aat ttt	97654
Leu Ser Asn Leu Ile	Phe Gly Gly Leu Ile	Asn Phe Tyr Asn Phe	
17975	17980	17985	
ttg tta aat aaa aac	cta cat ccc gat aag	gta tcg tta gca tac	97699
Leu Leu Asn Lys Asn	Leu His Pro Asp Lys	Val Ser Leu Ala Tyr	
17990	17995	18000	
aaa cgg tta gct gcc	tta acc ctg gag tta	ttg tct gga aca aac	97744
Lys Arg Leu Ala Ala	Leu Thr Leu Glu Leu	Leu Ser Gly Thr Asn	
18005	18010	18015	
aaa gcc ccc tta cac	gaa gca gcg gtt aat	ggg gcg ggt gcc ggg	97789
Lys Ala Pro Leu His	Glu Ala Ala Val Asn	Gly Ala Gly Ala Gly	
18020	18025	18030	
att gac tgt gat ggt	gca gct act tct gcc	gat aaa gcc ttc tgc	97834
Ile Asp Cys Asp Gly	Ala Ala Thr Ser Ala	Asp Lys Ala Phe Cys	
18035	18040	18045	
ttt acc aaa gcc ccc	gag tcc aaa gta acg	gcc tcc ata ccc gaa	97879
Phe Thr Lys Ala Pro	Glu Ser Lys Val Thr	Ala Ser Ile Pro Glu	
18050	18055	18060	
gac ccg gat gat gta	att ttt acg gca ctt	aac gac gag gtt att	97924
Asp Pro Asp Asp Val	Ile Phe Thr Ala Leu	Asn Asp Glu Val Ile	
18065	18070	18075	
gac ttg gta tac tgc	cag tac gaa ttt tcc	tat ccc aaa tca tcc	97969
Asp Leu Val Tyr Cys	Gln Tyr Glu Phe Ser	Tyr Pro Lys Ser Ser	
18080	18085	18090	
aat gag gtc cat gct	cag ttt ctg tta atg	aaa gct att tac gat	98014
Asn Glu Val His Ala	Gln Phe Leu Leu Met	Lys Ala Ile Tyr Asp	
18095	18100	18105	

ggt cga tat gcc ata	tta gca gag ctt ttc	gaa agc agc ttt aca	98059
Gly Arg Tyr Ala Ile	Leu Ala Glu Leu Phe	Glu Ser Ser Phe Thr	
18110	18115	18120	
acc gcc ccc ttt agc	gcg tat gtc gat aat	gtt aat ttc aac gga	98104
Thr Ala Pro Phe Ser	Ala Tyr Val Asp Asn	Val Asn Phe Asn Gly	
18125	18130	18135	
agc gag ctt ttg atc	ggc aat gtg cgg ggg	ggg ctg tta tct ttg	98149
Ser Glu Leu Leu Ile	Gly Asn Val Arg Gly	Gly Leu Leu Ser Leu	
18140	18145	18150	
gca tta caa aca gat	acg tat acc ctt ttg	ggg tat act ttt gca	98194
Ala Leu Gln Thr Asp	Thr Tyr Thr Leu Leu	Gly Tyr Thr Phe Ala	
18155	18160	18165	
ccc gtg cca gtc ttt	gta gag gaa ctg acc	cga aaa aag ctg tac	98239
Pro Val Pro Val Phe	Val Glu Glu Leu Thr	Arg Lys Lys Leu Tyr	
18170	18175	18180	
cgc gaa act acc gaa	atg tta tat gct cta	cac gta cct ctt atg	98284
Arg Glu Thr Thr Glu	Met Leu Tyr Ala Leu	His Val Pro Leu Met	
18185	18190	18195	
gtc tta cag gat caa	cat ggg ttt gtg tcc	atc gta aac gct aac	98329
Val Leu Gln Asp Gln	His Gly Phe Val Ser	Ile Val Asn Ala Asn	
18200	18205	18210	
gta tgt gaa ttt acc	gag tct ata gag gat	gca gaa ttg gca atg	98374
Val Cys Glu Phe Thr	Glu Ser Ile Glu Asp	Ala Glu Leu Ala Met	
18215	18220	18225	
gcc acc acg gtg gac	tat ggc ctt agt tct	aaa cta gcc atg aca	98419
Ala Thr Thr Val Asp	Tyr Gly Leu Ser Ser	Lys Leu Ala Met Thr	
18230	18235	18240	
att gca cgc tca cag	ggt ctg agt tta gag	aag gta gct atc tgt	98464
Ile Ala Arg Ser Gln	Gly Leu Ser Leu Glu	Lys Val Ala Ile Cys	
18245	18250	18255	
ttt acg gcg gat aaa	ctg cgc cta aat agt	gtg tat gtt gcc atg	98509
Phe Thr Ala Asp Lys	Leu Arg Leu Asn Ser	Val Tyr Val Ala Met	
18260	18265	18270	
tcg cgt acg gtc tcc	tct agg ttc tta aaa	atg aat cta aac cct	98554
Ser Arg Thr Val Ser	Ser Arg Phe Leu Lys	Met Asn Leu Asn Pro	
18275	18280	18285	
cta cgg gaa cga tat	gaa aaa tcc gca gaa	att agc gat cac att	98599

Leu Arg Glu Arg Tyr	Glu Lys Ser Ala Glu	Ile Ser Asp His Ile	
18290	18295	18300	

ctt gcc gct cta cgt	gat ccc aac gta cac	gtt gtg tat taa	98641
Leu Ala Ala Leu Arg	Asp Pro Asn Val His	Val Val Tyr	
18305	18310		

agcattgtat aaaaacacgc atgcgggctt gctgttctca tttctagggtt ttgtctttaa 98701
 tacacccgcc atgagcatct ctggaccccc aacgacgttt attttatata ggttacatgg 98761
 ggtaggcgg gttcttcact ggactttacc ggatcatgaa caaacactct acgcatttac 98821
 ggggtgggtca agatcaatgg cggatgaagac ggacgctcga tgtgatacaa tgagcgggtgg 98881
 tatgatcgtc ctccaacaca cccatacagt gaccctgcta accatagact gttctactga 98941
 cttttcatca tacgcattta cgcaccggga tttccactta caggacaaac cccacgcaac 99001
 atttgcgatg ccgtttatgt cctgggtcgg ttctgaccca acatctcagc tgtacagtaa 99061
 tgtggggggg gtactatccg taataacgga agatgaccta tccatgtgta tctcaattgt 99121
 tatatacggg ttacgggtaa acagacctga cgatcagacc acaccaacac caaccccgca 99181
 ccagtataca tcgcaaaggc ggcagcctga aaccaactgt ctttcttcac cacaaccggc 99241
 ctttttcaca tcagacgacg acgttctttc gttaatatata cgggacgccg caaacgcgta 99301
 aagacagatt caagactaac atttatccca actgattaca tttcatacgc gaataaacga 99361
 cacaanaaat ttatatttaa cggcttttaa tttgaagaca cctatcctct taacgttgat 99421
 gagccttgca ggttgggtgc cgcgcttcac cggtattata cataaccgat ttaccgtgtt 99481
 tacggcagtc tgaccattta ccagtgtatg tctgtaatac gacgttggtg tgtcccgaca 99541
 aaattaactc gcgtacaaat ttctgatggt ccccggcgt ggcaacgctg gcatttcaa 99601
 acacattacg ttctcgtagc tccatgaccg ctattttcag tattaattgg ttggtcggtc 99661
 aaagtatttt cttatgtaa aaggacacga tctaaagccg taaactcata cacaacact 99721
 ggtaccaacg gacgcgattt tccgtccgtt gagcgggtgt aatatcggcg aggtcttctt 99781
 gcacgaatac tctcgtagc taggtttctg acacggggtg catgggtttt ttgacacaac 99841
 acaaacatth gcaggctctt atgactggat ggattgaatt tatttttaga tagggtcacg 99901
 tgtttttgtc gtgacacgcc tcgaccagaa aaggctgcgg ttttcgtaca cgcgaccgtt 99961

atttcacagg cggtcataac caagctgcgg cggatgggtg cggttaattg tctccgcca 100021
agttcgtcaa tagatgatac catgaacaac gtatcaaattg gtacatagtc gtcttttggtt 100081
ttctcaatac agcccgctg cccaatcgga aatttttcat ttgcatcaac gctattttct 100141
gtaaaatcgt tctgaacact gtgttggtg gctacctgtt taaaatttgg gatcgaacac 100201
gggccacgat gcaatcccca acccattga agcaatgccg tcggtacgga aggaggcaac 100261
tccgaaaaca ttatggtacg caagagggtc gattggagtg ttatataaca ctccaatcga 100321
tctcgggttc gcctttacgc gtaaaatact cattggcttg aacgaaatgt cgacaattcc 100381
gaaatggaac acgggacaat ggcgacggat gcgcgtgtgt tagcaccaga tgacatcttg 100441
aattcggttg ggttgtcttc tgtgcatgcg caccacacag cataaaaact aaccctgtac 100501
ggttctcgca taacctctgt agcacgcgtt gcaccagccg ccccgagcct aagtatacat 100561
gcgaccccg agtcccgcga cgaaccgtaa gcgtggtatt cagcaataac acccctgcc 100621
ttgccaact ctccaggcat ccgtgagtgg gcggagtcatt atttgggtat gattccatga 100681
gggccgcaaa aatattttta agactagacg gtggtgttat gccacgtttt aactaaacg 100741
ctagcccatg tgcattgtccc gcggtagggt atggatcttg accaataatt acaacgcgaa 100801
tgctctgggg tccgcaaaat cgcgtccatg caaaaatatt gcctgtagat ggaagtattt 100861
cttcccctga atttaaaaga cgattgtatt ctaaaaaaat acctttcgcg tacggctctt 100921
taagttcgtc cgacaacagg tcataccact caggggaaat gttaaacttg ctgaaaactt 100981
caaccgaatc cagttgcgaa gagacggggg tgaacgtttc cgtgtcgtaa tgatgtgaca 101041
tgttatttta cttgaagggt ggggggtcta gcttaacccc caaaggcagc ccgcggggtc 101101
gcttgccgggt ttttttggt accggatggg ccaaacata aatgtccttt gaatccgata 101161
gtttcatttc attggcatac gcgttgaac aaacggtcgg ctcccagac acatccattt 101221
tccgggatat ttgtggaaga tggagtagag tctaccata caccggaag ggcattcaac 101281
aaagcatcgc gtatgtcccc gcttttatgt tcttcaccaa cagattgtgc cagccccttt 101341
aaggtgacgt atggatttgt ccagtacgcc atttgtttgt ctttaaacca aagtataact 101401
tccggtactg gacattttgt cttaccacg attcccata gcgcctcgct gaggtttgat 101461

accgggggtg ccgcatagtc ccacgcctca tataccgatg acacgcacgg ttccgttata 101521
atcaaactca catccgatag cggtttggct ccaaaaaaca acggagtgtc gtcttggaga 101581
tgaagacaat acgcgattgt gatagttttt aaaaaaacta tctgcagtaa ccatttatgt 101641
gatgccatga cgcttgtgtt ttcccttcac tacgacgttg tcgtatcctt tgaaaaactt 101701
gaccactcta atggaagcat ggacaagtat gagttttata tatacagttg gccttttagtt 101761
aaactcttgg tgtcatatct cattttccta aaaagggcga tcttaatatg tcaaacgtca 101821
cggcgtgccg acaaagcgaa tttccatgca agatttggat gtagtattta tacaccaat 101881
cacatgtcac gtattaagct ttacagtccc ccgttatctg atataatcac ttttcttaac 101941
acgtcatcgg gaaaacagat gtttatatta tacctctcgc ggtcatttac ggcaataact 102001
tagaccgttt tcaagcggac tgaaaacgct caaattgcct tttggaggcc tgcccaacgg 102061
ccattatccc ttggatctaa gattgatttg cggtaacgtt tgccaatcaa gctttaaaaa 102121
cgtaccccaa acttaaaacg ctcaaattgc cttttggagg cctgccaac ggccattatc 102181
ccttgatct gagattgatt tacggtaacg ttgccaaac ccacgattt cagtttaaat 102241
atttctaagc attcttagtg cgtacttggc agcgtgctta aaatatcaac caatatccat 102301
tatgctacac gtttcttct atccgtttca atccattaaa agtccattaa caaaatgat 102361
gcatcatacc taattcacct aaaaacctga ctcatcgcag cagcgtttcc tccttgaga 102421
ctatccagtt ggcattttaa acgggtccgg ctgcctaaac cgaaaacacc gttgccttta 102481
ctgtaagtac aaactaaaa tttatatattg cgtgcgtatt ttgtaacata tatgcctttt 102541
atccccccgc aagtttgctt taccctcgcc ttaccaccc ccgccacctt ccggccattt 102601
taataacttt aattgctata agacataccc aaaccggatg atttttgccg ctggaaaaac 102661
agcttcta at tttccgtct caactcggcc ttggttgc atccaagtat acctttagtt 102721
tgctcccgta gaggtgtata aatacaaacg gtgacaagta ttgagcgtaa tctcaaattt 102781
ttgtaattta gggcggagcg cttacgacag cacatgcgta ctgttagact gttatgttta 102841
ttgtatttgc agagcaggat gccccgtta ctccgagacc ggattgcggg cattccgaat 102901
cgtgtacgga cttaccaggg ggcagtattt acaccttggg ttccagatat accaaccctt 102961

acgaccaata gcaacactca ggtatTTTTa aaatgcacgt ttaatgatca taattttacat 103021
acagttggta ataaagcaga ctgtggatgt ttaaggcatt tccttcccc tcccaacaaa 103081
ctaggacttc ttcattctgt ttggaatacc tttacccgct ttaccggcag agcttttttt 103141
ggtaagggtgt ttcagtgaac ctgatgttga tccggagggtg gaggggggtat tggactcccc 103201
ctgtggagag gcaactttgc gggttttact tcccttacat gccgaatcag actcagatgt 103261
caggtctatt gttaagcatc gttaaagtc tctgccggtg tgaaataaac ggcgccttagc 103321
accccttgcg cttcccgggt taatccccgg taacacagaa aaaagcctga ctttttgggg 103381
tgtatttacc aatcgggtat ccctttcatc gccacgagag gtctccccgg ttgagggtgt 103441
ttctgggtctt acaattggac ctgtaattag ttggatggct gtatctttcc aggtccaggt 103501
ttgcatgggt aggcggttg gatcggtaca tcgatccaac aagaataaca tgtttgttac 103561
aaacggtcct gttgaatcat gcaaaagaca acgcagggtat gtttttaatc cgcctcatc 103621
acgcccgtaa atacctatat agtttaatat caacatTTTT gtaggctcta caatttcggg 103681
ttgatacagt tccgcaagtt gatcatcaag ccatccgagt aaagggtgca tgtaacacgg 103741
gaatctcgcg tttccctctg ttcctctatc cgtggctcga aaaggcagtc tgtccatggt 103801
tcgtgggtct tgattaattc ccacagatac tggacgatca cggtagtcct gcccccggt 103861
ccgggggtgc tgtgcagatt caatcgagcc atacaccacc ggggtcgccg atcgaacagc 103921
aggttgggtct ttaaaaaata ccttccgtaa aaatgatgcg gtagagcatg ttttgggttac 103981
accagggtc gagtctcggg tcggtggttg tatagaatcc tgttgagagt cacttggtga 104041
ctctgctgtg ggctctctag ccgacgattg aaggggcca gggtttgggtg attgaatggg 104101
ctcccgaactc gatcttgatg ttggctgttg gatggactcc cgactcggtc ctgggcttgg 104161
tggcagaaga tctatgacat ctcccgtag gatgtcgatg gaatcttcaa atgacgggtc 104221
agaaaaacca tcgtcgtcgg atgggtgcac ttcatttcc ttgtaacttg taccattac 104281
gatcttatgc aggatggatt gcaactggaca ccggcagaga ggacactgga cgctggtgga 104341
ggtccatgcc cgaatacaaa caaagcagaa gtcgtgcaaa cacggcatgg ttttccgag 104401
atcggaacg gtgctcatgc atatggtgca ggtattatcc gaagcgtcgg aggtgccgt 104461

accgcccgt aatatggtat ccatggtaac aactggctgt attctaattgt ccgggcatcc 104521
aaacacgtag cagaactgcc atgcgttcta aattgtgagt tgtggcgagt acatttttat 104581
aattggtacc aacgaagaca caccctata tccctccacc catttctttt aagtcccacc 104641
cactaaaacg tgggtataaa atgtgtattg gggtaggcgg acagtcccaa caaacaggga 104701
agttgattgg tataaccttg ggccgggtat acagctaagt gacattttag attctgtctt 104761
tatttagata aagagcgata cgaagacatt tctccacccc cctgtaatac ccgtaaataa 104821
aggtaagtcc acaaacaaaa gcactgtata taggaagtcg ggtgtattgg gacagttact 104881
ccattagagg cgtacaaaca atactgggat agggtaatgc aagtcccccc cgatggtcgc 104941
cccgcaaacg cgcggggagg tggggtcgct ttttttttc tctctcgagg gggccgcgag 105001
agggttgcc tcctctcccg gggtcgccg ggcgccaga aaccgggggg gggttatttt 105061
cggggggggg tccgaccagc ccgcccgtcg cccgccgca cagacagaca gacattttt 105121
tcataaaaac cgttccgctt ttattaacaa caaacagtcc gcgcgccagt ggcgctcacg 105181
agaaaaggag gggactccgt cccccgac tctgcggggg gtcctcccc ccgcgcctc 105241
cccacacatc gtcctcgtcc tcggaggacg aggacgagga caacagtcc accttgaccg 105301
ccgggcgcaa acccaccgg cggtctcgca gcacaccgg ggccaccgac acgatgctca 105361
cccaaagga tgaccccggt gcgtccccgt cgtccccgcc cccctcctcg ctgtcccacg 105421
cgtcttcaca cccacctcc caatcgtcca gtcctaaagc gtgttctctg tcgtctgcgg 105481
tgcgccgctg tcgccccgcc tgggtttctg acggccgttc cgagccccg tgggtgtccga 105541
acacgaaccg tgttccgtcg ctcccccca acaccgtctc cgcgccccca aaaccgggcg 105601
gccacattac tctgggaatc ggggggaggg cattccgagc ctcgtccgcc gacgcataca 105661
gcgccaccga ccgaccggcc acgggtggaa gcacgagtgg ttctgcggca gggtcgggtt 105721
ccagcagggc gtggcgga aacaccctcg cccaggtggg tacgtcgccg gcctccggcc 105781
cggcggcccc cggtctccgt cctcgggaa ggaagacggg tcgaagcgcg gcaccaggc 105841
cccatcggtt tgctgcgcgg tggctatgtg ccgcctcgtc caciaagtcg gctgccccga 105901
gccccagacc ccgagactgt cgcgcgaggc ccttgcaacc gtcaaaaccc ggcagcacgt 105961

actgccggta ttcacggggc gacaggggga cgcggggtctt ggggcccgcg cgggtacaca 106021
cggtgtatgc gacgttccca ccgcggcaca aacacagggg ttgttcgccc ggggtacaggt 106081
tggcaaacgc agtctcgata cgagcaaaac tcgctggccc aaaggtgcgc gacgatgcaa 106141
acacggccccg ggcgagtcct tctgtgaccg ccgagtctgg ccatcggacg acggcctggg 106201
cgtccggtcg cgccggggcc cggacgtaca cgtgatactg agacaaagcg ggtccatccc 106261
tgggccacct ctcgagggcc accgcgtcca acaccagcaa ccggcgccgg gcagaggcca 106321
accgcgagcc tagatactcg acggccccgg caaaggccag gtctcgggtc gacagtaata 106381
aaacgccccg ggcgttcaaa gcggacacgt ccggcggggc ggtccagttc ccggcccagg 106441
catgagtgtc cggcaggcac aaccggttac tcagggtgc caggaccaca gacagtcccc 106501
ctcgggatgg actccatgac ggtcccggat ctgtcgcgag ggtgctctcg agggggccgt 106561
tgatgtcctc tccgggcaac ggatcgtaga tgatcagaag cctcacatcc tccgggtctg 106621
ggatctgccg catccaggcg cacctccgtc gcagcgctc cactccgctg ggtggaccaa 106681
accgtcggtc tcctccgcc ggacgccgag cggcgatttc cgccaaggcg ccgggatcaa 106741
agcttagcgc agggcgccag gccgtgggaa acaatgggtc gtcgaccaga cgggcgatgg 106801
tttcgggggt acagtacgcc ttgcgagcct ggtccgacgg gaccggggta tgcaggggcc 106861
cccggggaat acgccgaaat cccccgtttg gggccgggtc gtcaagtggc atcgttatta 106921
cggcgggggg atccaccaca gggcccaggg tgatggtcac gggctcggat acccgctct 106981
tggccttggg aaccacatga tcgtctgcaa cccgggcgtc cgcgacgggt gtctccctaa 107041
tcttgtcgag gaggttctg ctctcgactg gctgggactt gcgcttgccg ggagttcgta 107101
aacgatcatc cgggtggacac acagaaagag agcgtgcggc ggccgacggc tgagggtcgg 107161
gagcctgtgt ggccgggggtt gttggagaag ggtgaccgcg ggagatccgc gccgccggac 107221
tggagcccgt tgcctcgggg tatgccatgc tggcaaaggc tctgcggaga ctctgtagga 107281
taaagtgttt ttgggcccgg tcgtatcgac ggctcatagc cacggccgcg gccgcgtggg 107341
ggagagccca gagggcctcc cccgtggcca tggcttcgcc tacatgcgga acgggagacg 107401
ctacgtccc cgtaacggcg gtacccgcc gtcccgggtg caacagcttt tggtagaact 107461

ggttcagggc cgagttgaca ccggtcagct tggggttctg gagccatgct atagggctctc 107521
tgtctggaca gtagatcagg ttaatcagcg cgcggtactg tctagccgga tctcccaact 107581
ccggcacgta aagcggcacg ggttccgttg aggcctcgta acgagcccgc gccgctctca 107641
cagcctcatc ctcccagtga cctctcttgg tctccccgga cggtcctaac cgcaccctgt 107701
tggatgggag ggggtgccgat ccgggccaag ggcttccgtc gggcatcatg agcggccccg 107761
acaccggggg aattatcggg gttctggatc gcggcaggga aaatgatttc tgtctctggc 107821
gccccggttc ccccgcaaga cgtttggtct tacgaatcct cggatcggga ccgctgatgg 107881
atcgatatcc cggttggata ttttgtttcg tcgaccacc atcatttgag tccgaatcat 107941
ccgaatttga cggggaaggg gcgtgttcgc gtccggacct gctgcctgta gtttcacttc 108001
ccaccgaaac gcgccggggg tcatcgtctt catcctccga tgacgatccc cagcacgagg 108061
aagaggatga agacgaaaca aactcacgac tctttggctt tttctccact gggctgtcat 108121
cctcaatcgg gtctggtgcg tgggatcttc ccggcagggc caaaaacgct ctaggtttgc 108181
ccccgacga acgtccaggg acgcgaggtg ttataccccg ggcatcatgt ttccttgggc 108241
gggtatcatc ggtctcaaac ggcaggtccg cttttgccc cttagcggga acgctgtccg 108301
aaaggacgtg gtacaattgc tcaaccgggc cgggtacagg tccaccgggt ttccgcgccg 108361
ggagtgggac cttaaccttc aaagtctttt tcttcgggct ctttccctga gcgggccgtt 108421
gagttttctg gagaactact ccgtcccccg atgcatgcgc atgaccgct tgctcatcgc 108481
ccggcttttt acccgagatg gactgagttt gtctgtctcg atggaccacc gacggcaaac 108541
ctggtgaatt tcctctcgtc gtttgtcggg gtatagaccg ctggtcttcc cgttgatcgt 108601
tcccggcggc gtctccaaca ggagacgcgg gggatacagg ggagaaggcc tgcgggaacg 108661
gaggggtcgt acctctgccc gtttcccat cgttcatcgg tggttttgga gacctagcaa 108721
gcttcgttcc gagagagact gtctcaaggg agcgatcggc tcctgttggt tctcgcgcgc 108781
cggcctccga gaatcgggtg tggaagacct cggccagcgg gattacaggc gagccatta 108841
gatcctgacc gtctcgcgt acgtagtcgt cttgtgttag ctcttcgcca acatcttccg 108901
ttctgggttc tggttgaagt cccgatacgg agggaattga aacgatctcg tgttcccgtc 108961

ccaccatgac cccgttctct ccaaatagta gatcgtcagg ctgactcgag gtgaccaccc 109021
gggccctgtg ttcggcggcc gccgcggccg cgtccaacag gtccattaac tccaaagtat 109081
caggcgaccc cgcgcggttg ggtgtagagc gctgcatcgg cggcgatatcc atcgactgg 109141
ggtgaattta gacgtacccg agttttccaa acgctctcgc agccttcaaa ggattgcgat 109201
tgcggttggt gagggagttc caacagtact taaaacgtgt tgtgcccccc cctcgaccgc 109261
atatttcctc cccgtgtcgt caccgtgtaa atattcttaa tgataagacg atgtagtgat 109321
tggaagagac tcgaggcggg aagttcatgg accatagtat gcgtttaagg agagaccgct 109381
ggttggcgat gtacgcccgg tgtctatttc cgcatacctt acaacatcat aacaagggat 109441
accagacatg tgaatttcat ttacatatgt ttaaataaca accaatcatc gtgtgtctac 109501
agacgatata taatatacat aaacacaatt ggggttgtct cacatgcaaa acatcttata 109561
taacacgggt tgtttccacc catccggcat ctagttaatc aaatgcacgt cgacggtgtg 109621
tttgggtccc tctccgtcgt cattacgttc gcgcaatcaa caagcgata caccaccacc 109681
cctcccaacg attatgtcag gcggcacgaa gccgcgata acccataaaa tacacacggg 109741
gttgtggtgt tcacgtaacc ccccgccgat ggggaggggg cgcggtaccc cgccgatggg 109801
gagggggcgc ggtacccgc cgatggggag ggggcgcggt accccgccga tggggagggg 109861
gcgcggtacc ccgccgatgg ggagggggcg cggtaccccg ccgatgttta taaccataat 109921
tctctaaacc gttgtagaaa atcacaaaa aatttattca aaaacaagtc gaagaacttc 109981
atatctgagg catgtaaacc cgttcgcact tcctgggggtg gaatgggggtg ggggtgggggg 110041
gtgaaaaagg ggggggggta aattgggcgt ccgcatgtct gtgggtgtacg ccaatcggat 110101
acactctttt gatctgcatt cgcacttccc gttttttcac tgtatgggtt ttcattgtttt 110161
ggcatgtgtc caaccaccgt tcgcactttc tttctatata tatatatata tatatatata 110221
tatatagaga aagagagaga gtttcttggt cgcgcggtgt cccgcgatgt cgcggtttta 110281
tgggggtgtg gcgggctttt cacagaatat atatattcca aatggagcgg caggcttttt 110341
aaaatcgatt tgacgtgata aaaaaaaca cacggggccc ccccttttt ttggtgttat 110401
aaaggcaacc caatcgaagg tctcccgcgc cggaatcccc cattgccatt ttacccaagt 110461

agccttattc atagatgtaa acgtttgggt gtgtgttttg ttgtgcaggg ttcgtccgat 110521

tcataacgcg acagcgtcga gtcggtttta agggaaaagg ttactacggc cccaaggac 110580

atg ttt	tgc acc tca ccg gct	acg cgg ggc gac tcg	tcc gag tca	110625
Met Phe	Cys Thr Ser Pro Ala	Thr Arg Gly Asp Ser	Ser Glu Ser	
18315	18320	18325		

aaa ccc	ggg gca tcg gtt gat	gtt aac gga aag atg	gaa tat gga	110670
Lys Pro	Gly Ala Ser Val Asp	Val Asn Gly Lys Met	Glu Tyr Gly	
18330	18335	18340		

tct gca	cca gga ccc ctg aac	ggc cgg gat acg tcg	cgg ggc ccc	110715
Ser Ala	Pro Gly Pro Leu Asn	Gly Arg Asp Thr Ser	Arg Gly Pro	
18345	18350	18355		

ggc gcg	ttt tgt act ccg ggt	tgg gag atc cac ccg	gcc agg ctc	110760
Gly Ala	Phe Cys Thr Pro Gly	Trp Glu Ile His Pro	Ala Arg Leu	
18360	18365	18370		

gtt gag	gac atc aac cgt gtt	ttt tta tgt att gca	cag tcg tcg	110805
Val Glu	Asp Ile Asn Arg Val	Phe Leu Cys Ile Ala	Gln Ser Ser	
18375	18380	18385		

gga cgc	gtc acg cga gat tca	cga aga ttg cgg cgc	ata tgc ctc	110850
Gly Arg	Val Thr Arg Asp Ser	Arg Arg Leu Arg Arg	Ile Cys Leu	
18390	18395	18400		

gac ttt	tat cta atg ggt cgc	acc aga cag cgt ccc	acg tta gcg	110895
Asp Phe	Tyr Leu Met Gly Arg	Thr Arg Gln Arg Pro	Thr Leu Ala	
18405	18410	18415		

tgc tgg	gag gaa ttg tta cag	ctt caa ccc acc cag	acg cag tgc	110940
Cys Trp	Glu Glu Leu Leu Gln	Leu Gln Pro Thr Gln	Thr Gln Cys	
18420	18425	18430		

tta cgc	gct act tta atg gaa	gtg tcc cat cga ccc	cct cgg ggg	110985
Leu Arg	Ala Thr Leu Met Glu	Val Ser His Arg Pro	Pro Arg Gly	
18435	18440	18445		

gaa gac	ggg ttc att gag gcg	ccg aat gtt cct ttg	cat agg agc	111030
Glu Asp	Gly Phe Ile Glu Ala	Pro Asn Val Pro Leu	His Arg Ser	
18450	18455	18460		

gca ctg	gaa tgt gac gta tct	gat gat ggt ggt gaa	gac gat agc	111075
Ala Leu	Glu Cys Asp Val Ser	Asp Asp Gly Gly Glu	Asp Asp Ser	
18465	18470	18475		

gac gat gat ggg tct acg cca tcg gat gta att gaa ttt cgg gat 111120

Asp Asp Asp Gly Ser Thr Pro Ser Asp Val Ile Glu Phe Arg Asp
 18480 18485 18490

 tcc gac gcg gaa tca tcg gac ggg gaa gac ttt ata gtg gaa gaa 111165
 Ser Asp Ala Glu Ser Ser Asp Gly Glu Asp Phe Ile Val Glu Glu
 18495 18500 18505

 gaa tca gag gag agc acc gat tct tgt gaa cca gac ggg gta ccc 111210
 Glu Ser Glu Glu Ser Thr Asp Ser Cys Glu Pro Asp Gly Val Pro
 18510 18515 18520

 ggc gat tgt tat cga gac ggg gat ggg tgc aac acc ccg tcc cca 111255
 Gly Asp Cys Tyr Arg Asp Gly Asp Gly Cys Asn Thr Pro Ser Pro
 18525 18530 18535

 aag aga ccc cag cgt gcc atc gag cga tac gcg ggt gca gaa acc 111300
 Lys Arg Pro Gln Arg Ala Ile Glu Arg Tyr Ala Gly Ala Glu Thr
 18540 18545 18550

 gcg gaa tat aca gcc gcg aaa gcg ctc acc gcg ttg ggc gag ggg 111345
 Ala Glu Tyr Thr Ala Ala Lys Ala Leu Thr Ala Leu Gly Glu Gly
 18555 18560 18565

 ggt gta gat tgg aag cga cgt cga cac gaa gcc ccg cgc cgg cat 111390
 Gly Val Asp Trp Lys Arg Arg Arg His Glu Ala Pro Arg Arg His
 18570 18575 18580

 gat ata ccg ccc ccc cat ggc gtg tag tctttataaa taaatacaat 111437
 Asp Ile Pro Pro Pro His Gly Val
 18585 18590

 ggtttggtc gtgtcttttt ttgatgtctg tctgtggggg agtggggtgt tgtggatatt 111497

 agagggtaga ggggtctggt ttgaacgtct ccattaaccc acggggtccc cacacgggcc 111557

 gtgtggt atg aat ctc tgc gga tcc cgc ggt gag cac ccg ggc ggt 111603
 Met Asn Leu Cys Gly Ser Arg Gly Glu His Pro Gly Gly
 18595 18600

 gaa tat gcc gga ctt tac tgc aca cga cac gat acc ccc gcg cac 111648
 Glu Tyr Ala Gly Leu Tyr Cys Thr Arg His Asp Thr Pro Ala His
 18605 18610 18615

 cag gct ctc atg aac gac gcc gaa cgg tac ttc gcc gcc gcg cta 111693
 Gln Ala Leu Met Asn Asp Ala Glu Arg Tyr Phe Ala Ala Ala Leu
 18620 18625 18630

 tgc gcc ata tct acc gag gcc tac gag gct ttt ata cac agc ccc 111738
 Cys Ala Ile Ser Thr Glu Ala Tyr Glu Ala Phe Ile His Ser Pro
 18635 18640 18645

tcc	gag	aga	ccg	tgc	gcg	agt	ttg	tgg	ggg	agg	gca	aag	gac	gcc	111783
Ser	Glu	Arg	Pro	Cys	Ala	Ser	Leu	Trp	Gly	Arg	Ala	Lys	Asp	Ala	
18650					18655					18660					
ttc	gga	cgg	atg	tgc	ggg	gag	ctc	gca	gcg	gat	aga	caa	cgt	cca	111828
Phe	Gly	Arg	Met	Cys	Gly	Glu	Leu	Ala	Ala	Asp	Arg	Gln	Arg	Pro	
18665					18670					18675					
ccc	tcg	gtt	ccg	ccg	atc	cgc	aga	gcg	gtg	tta	tcg	tta	tta	cgc	111873
Pro	Ser	Val	Pro	Pro	Ile	Arg	Arg	Ala	Val	Leu	Ser	Leu	Leu	Arg	
18680					18685					18690					
gag	caa	tgc	atg	ccg	gat	cca	caa	tcg	cat	ctg	gag	ctc	agc	gag	111918
Glu	Gln	Cys	Met	Pro	Asp	Pro	Gln	Ser	His	Leu	Glu	Leu	Ser	Glu	
18695					18700					18705					
cgg	ctg	ata	ttg	atg	gca	tat	tgg	tgc	tgt	ttg	gga	cac	gcc	gga	111963
Arg	Leu	Ile	Leu	Met	Ala	Tyr	Trp	Cys	Cys	Leu	Gly	His	Ala	Gly	
18710					18715					18720					
ctt	ccg	act	att	gga	ttg	tcg	ccc	gat	aat	aaa	tgc	atc	cgc	gcc	112008
Leu	Pro	Thr	Ile	Gly	Leu	Ser	Pro	Asp	Asn	Lys	Cys	Ile	Arg	Ala	
18725					18730					18735					
gaa	tta	tat	gac	cgc	ccc	ggg	gga	att	tgt	cac	agg	ctt	ttt	gac	112053
Glu	Leu	Tyr	Asp	Arg	Pro	Gly	Gly	Ile	Cys	His	Arg	Leu	Phe	Asp	
18740					18745					18750					
gcg	tac	ctg	ggc	tgc	ggg	tcc	ctt	gga	gtc	cca	aga	acc	tac	gag	112098
Ala	Tyr	Leu	Gly	Cys	Gly	Ser	Leu	Gly	Val	Pro	Arg	Thr	Tyr	Glu	
18755					18760					18765					
aga	tcc	tga	caccccatcc	ctttatatag	aaaaaaaaaa	ttaaatttaaa									112147
Arg	Ser														
18770															
acatacaccg	gataaaagcg	tactgttttt	tatttaaatt	tacacgctcg	gcgttgcccc										112207
ggttcgggtga	tcaccgggtc	ttatctatat	acaccgtgta	actcgaaccc	ccgtgactcc										112267
ctccaatcgc	gttaccaaac	tcttcttccg	tatccgtaga	ttccgagtcc	tcgaaatcgt										112327
ccacttatcc	aacaaattgt	gacgttatat	atcccaaggc	aaaggccgct	cccgtcatag										112387
caaatacaaaa	gacaattatt	agcgtaatat	aacagaatit	tttacgatga	tatatatttat										112447
gttgatattt	tccaattcga	cgcaaaaatt	catctgccgt	ttcattttcg	ctatcactat										112507
aataacactt	ttcagccgaa	cggctcgggt	gtatggctgt	tatcgttgta	ttatttggtt										112567

gcgctcgcg gggtaccacc gcttccatca gtaaggccac ggcctcacc tccatggtgt 112627
 tttgtccggc catagaaatc cagattgtaa ggccagcagg ctagtttaaa agtgtttaat 112687
 accacacctt ttgatattta tatacatgca agattctaga ttattcatca ataggtcgtt 112747
 taaagcgcg tttcataaac gttgtcagct ataccgacat tctcaciaag aggtaaagtt 112807
 acctacgtt attattaaat aaaacatgta gacattatta ataacctag gaacaatcaa 112867
 atccatattt gtaagttatg ttttaaccct cccctttttg tcattatctc cgccctctta 112927
 taatcggatc actttataag tgtgtcgggtg agtatatttt gtacagttgt tggacaacag 112987
 gtttttggtt cattaacact atcaacataa gtcgggggtat acaagtata atg aac gac 113045
 Met Asn Asp

gtt gat gca aca gac acc ttt gtt gga caa gga aag ttc cgt ggc 113090
 Val Asp Ala Thr Asp Thr Phe Val Gly Gln Gly Lys Phe Arg Gly
 18775 18780 18785

gcc atc tca aca tca ccg tca cat att atg caa aca tgt ggg ttt 113135
 Ala Ile Ser Thr Ser Pro Ser His Ile Met Gln Thr Cys Gly Phe
 18790 18795 18800

ata caa cag atg ttt cca gtt gaa atg tcg ccc ggc ata gaa tct 113180
 Ile Gln Gln Met Phe Pro Val Glu Met Ser Pro Gly Ile Glu Ser
 18805 18810 18815

gag gat gat ccc aat tat gac gtt aac atg gat ata cag tct ttt 113225
 Glu Asp Asp Pro Asn Tyr Asp Val Asn Met Asp Ile Gln Ser Phe
 18820 18825 18830

aat ata ttt gat ggt gta cac gaa act gaa gcc gaa gcc tct gtg 113270
 Asn Ile Phe Asp Gly Val His Glu Thr Glu Ala Glu Ala Ser Val
 18835 18840 18845

gca ttg tgc gca gaa gca cgc gtt gga att aat aaa gcg gga ttt 113315
 Ala Leu Cys Ala Glu Ala Arg Val Gly Ile Asn Lys Ala Gly Phe
 18850 18855 18860

gta ata tta aaa acg ttt aca cca ggg gcg gaa ggt ttt gcg ttt 113360
 Val Ile Leu Lys Thr Phe Thr Pro Gly Ala Glu Gly Phe Ala Phe
 18865 18870 18875

gcg tgt atg gac agt aaa aca tgt gaa cat gtg gtc att aaa gcg 113405
 Ala Cys Met Asp Ser Lys Thr Cys Glu His Val Val Ile Lys Ala
 18880 18885 18890

ggt caa cgt caa gga acg gcc acc gag gca acc gtg tta aga gcg 113450
 Gly Gln Arg Gln Gly Thr Ala Thr Glu Ala Thr Val Leu Arg Ala
 18895 18900 18905

tta acc cac cca tcc gtt gta cag ctt aaa gga acg ttt acg tat 113495
 Leu Thr His Pro Ser Val Val Gln Leu Lys Gly Thr Phe Thr Tyr
 18910 18915 18920

aac aaa atg aca tgt ctt ata tta cca cgt tac cga aca gat tta 113540
 Asn Lys Met Thr Cys Leu Ile Leu Pro Arg Tyr Arg Thr Asp Leu
 18925 18930 18935

tac tgc tat cta gct gca aag cgc aac ctc ccc ata tgt gac att 113585
 Tyr Cys Tyr Leu Ala Ala Lys Arg Asn Leu Pro Ile Cys Asp Ile
 18940 18945 18950

tta gca att cag cga tct gta tta cgc gcg tta cag tat ctt cat 113630
 Leu Ala Ile Gln Arg Ser Val Leu Arg Ala Leu Gln Tyr Leu His
 18955 18960 18965

aat aac agt att att cac cgt gat ata aaa tct gaa aat ata ttt 113675
 Asn Asn Ser Ile Ile His Arg Asp Ile Lys Ser Glu Asn Ile Phe
 18970 18975 18980

att aac cac cca ggt gat gtt tgt gtg gga gac ttt gga gca gcg 113720
 Ile Asn His Pro Gly Asp Val Cys Val Gly Asp Phe Gly Ala Ala
 18985 18990 18995

tgt ttc ccc gtg gat att aat gcc aac agg tat tat ggc tgg gct 113765
 Cys Phe Pro Val Asp Ile Asn Ala Asn Arg Tyr Tyr Gly Trp Ala
 19000 19005 19010

gga aca atc gcc aca aac tct cct gag tta ttg gct aga gat cca 113810
 Gly Thr Ile Ala Thr Asn Ser Pro Glu Leu Leu Ala Arg Asp Pro
 19015 19020 19025

tat gga cct gcc gtg gac ata tgg agt gcc ggg att gta tta ttt 113855
 Tyr Gly Pro Ala Val Asp Ile Trp Ser Ala Gly Ile Val Leu Phe
 19030 19035 19040

gaa atg gct aca gga cag aac tcg tta ttt gaa cga gac ggt tta 113900
 Glu Met Ala Thr Gly Gln Asn Ser Leu Phe Glu Arg Asp Gly Leu
 19045 19050 19055

gat ggc aat tgt gac agt gag cgt caa att aaa ctt att ata cga 113945
 Asp Gly Asn Cys Asp Ser Glu Arg Gln Ile Lys Leu Ile Ile Arg
 19060 19065 19070

cga tct gga act cat ccc aat gaa ttt ccc att aac cct aca tca 113990

出証特 2 0 0 5 - 3 0 3 5 3 8 5

acc ggg aca	aac tat agc gga aca	ctg gaa ctg tta tac	gcg gat 114729
Thr Gly Thr	Asn Tyr Ser Gly Thr	Leu Glu Leu Leu Tyr	Ala Asp
19230	19235	19240	
acg gtg gcg	ttt tgt ttc cgg tca	gta caa gta ata aga	tac gac 114774
Thr Val Ala	Phe Cys Phe Arg Ser	Val Gln Val Ile Arg	Tyr Asp
19245	19250	19255	
gga tgt ccc	cgg att aga acg agc	gct ttt att tcg tgt	agg tac 114819
Gly Cys Pro	Arg Ile Arg Thr Ser	Ala Phe Ile Ser Cys	Arg Tyr
19260	19265	19270	
aaa cat tcg	tgg cat tat ggt aac	tca acg gat cgg ata	tca aca 114864
Lys His Ser	Trp His Tyr Gly Asn	Ser Thr Asp Arg Ile	Ser Thr
19275	19280	19285	
gag ccg gat	gct ggt gta atg ttg	aaa att acc aaa ccg	gga ata 114909
Glu Pro Asp	Ala Gly Val Met Leu	Lys Ile Thr Lys Pro	Gly Ile
19290	19295	19300	
aat gat gct	ggt gtg tat gta ctt	ctt gtt cgg tta gac	cat agc 114954
Asn Asp Ala	Gly Val Tyr Val Leu	Leu Val Arg Leu Asp	His Ser
19305	19310	19315	
aga tcc acc	gat ggt ttc att ctt	ggt gta aat gta tat	aca gcg 114999
Arg Ser Thr	Asp Gly Phe Ile Leu	Gly Val Asn Val Tyr	Thr Ala
19320	19325	19330	
ggc tcg cat	cac aac att cac ggg	gtt atc tac act tct	ccg tct 115044
Gly Ser His	His Asn Ile His Gly	Val Ile Tyr Thr Ser	Pro Ser
19335	19340	19345	
cta cag aat	gga tat tct aca aga	gcc ctt ttt caa caa	gct cgt 115089
Leu Gln Asn	Gly Tyr Ser Thr Arg	Ala Leu Phe Gln Gln	Ala Arg
19350	19355	19360	
ttg tgt gat	tta ccc gcg aca ccc	aaa ggg tcc ggt acc	tcc ctg 115134
Leu Cys Asp	Leu Pro Ala Thr Pro	Lys Gly Ser Gly Thr	Ser Leu
19365	19370	19375	
ttt caa cat	atg ctt gat ctt cgt	gcc ggt aaa tcg tta	gag gat 115179
Phe Gln His	Met Leu Asp Leu Arg	Ala Gly Lys Ser Leu	Glu Asp
19380	19385	19390	
aac cct tgg	tta cat gag gac gtt	gtt acg aca gaa act	aag tcc 115224
Asn Pro Trp	Leu His Glu Asp Val	Val Thr Thr Glu Thr	Lys Ser
19395	19400	19405	
gtt gtt aag	gag ggg ata gaa aat	cac gta tat cca acg	gat atg 115269

Val Val Lys	Glu Gly Ile Glu Asn	His Val Tyr Pro Thr	Asp Met	
19410	19415	19420		
tcc acg tta	ccc gaa aag tcc ctt	aat gat cct cca gaa	aat cta	115314
Ser Thr Leu	Pro Glu Lys Ser Leu	Asn Asp Pro Pro Glu	Asn Leu	
19425	19430	19435		
ctt ata att	att cct ata gta gcg	tct gtc atg atc ctc	acc gcc	115359
Leu Ile Ile	Ile Pro Ile Val Ala	Ser Val Met Ile Leu	Thr Ala	
19440	19445	19450		
atg gtt att	gtt att gta ata agc	gtt aag cga cgt aga	att aaa	115404
Met Val Ile	Val Ile Val Ile Ser	Val Lys Arg Arg Arg	Ile Lys	
19455	19460	19465		
aaa cat cca	att tat cgc cca aat	aca aaa aca aga agg	ggc ata	115449
Lys His Pro	Ile Tyr Arg Pro Asn	Thr Lys Thr Arg Arg	Gly Ile	
19470	19475	19480		
caa aat gcg	aca cca gaa tcc gat	gtg atg ttg gag gcc	gcc att	115494
Gln Asn Ala	Thr Pro Glu Ser Asp	Val Met Leu Glu Ala	Ala Ile	
19485	19490	19495		
gca caa cta	gca acg att cgc gaa	gaa tcc ccc cca cat	tcc gtt	115539
Ala Gln Leu	Ala Thr Ile Arg Glu	Glu Ser Pro Pro His	Ser Val	
19500	19505	19510		
gta aac ccg	ttt gtt aaa tag aactaattat	cccggatttt atattaaata		115590
Val Asn Pro	Phe Val Lys			
19515				
aactatatgc	gttttattta	gcgttttgat	tacgcgttgt	gatatgaggg gaaggattaa 115650
gaatctccta	actataagtt	aacacgcca	catttgggcg	gggatgtttt atgaagcctt 115710
aaaggccgag	ctggtataca	cgagagcagt	ccatggtttt	agacctcggg cgaattgcgt 115770
ggttttaagt	gactatattc	cgagggtcgc	ctgtaat	atg ggg aca gtt aat 115822
				Met Gly Thr Val Asn
				19520
aaa cct	gtg gtg ggg gta ttg	atg ggg ttc gga att	atc acg gga	115867
Lys Pro	Val Val Gly Val Leu	Met Gly Phe Gly Ile	Ile Thr Gly	
19525	19530	19535		
acg ttg	cgt ata acg aat ccg	gtc aga gca tcc gtc	ttg cga tac	115912
Thr Leu	Arg Ile Thr Asn Pro	Val Arg Ala Ser Val	Leu Arg Tyr	
19540	19545	19550		
gat gat	ttt cac acc gat gaa	gac aaa ctg gat aca	aac tcc gta	115957

Asp Asp 19555	Phe His Thr 19560	Asp Lys Leu Asp Thr 19565	Asn Ser Val
tat gag Tyr Glu 19570	cct tac tac cat tca Pro Tyr Tyr His Ser 19575	gat cat gcg gag tct Asp His Ala Glu Ser 19580	tca tgg gta 116002 Ser Trp Val
aat cgg Asn Arg 19585	gga gag tct tcg cga Gly Glu Ser Ser Arg 19590	aaa gcg tac gat cat Lys Ala Tyr Asp His 19595	aac tca cct 116047 Asn Ser Pro
tat ata Tyr Ile 19600	tgg cca cgt aat gat Trp Pro Arg Asn Asp 19605	tat gat gga ttt tta Tyr Asp Gly Phe Leu 19610	gag aac gca 116092 Glu Asn Ala
cac gaa His Glu 19615	cac cat ggg gtg tat His His Gly Val Tyr 19620	aat cag ggc cgt ggt Asn Gln Gly Arg Gly 19625	atc gat agc 116137 Ile Asp Ser
ggg gaa Gly Glu 19630	cgg tta atg caa ccc Arg Leu Met Gln Pro 19635	aca caa atg tct gca Thr Gln Met Ser Ala 19640	cag gag gat 116182 Gln Glu Asp
ctt ggg Leu Gly 19645	gac gat acg ggc atc Asp Asp Thr Gly Ile 19650	cac gtt atc cct acg His Val Ile Pro Thr 19655	tta aac ggc 116227 Leu Asn Gly
gat gac Asp Asp 19660	aga cat aaa att gta Arg His Lys Ile Val 19665	aat gtg gac caa cgt Asn Val Asp Gln Arg 19670	caa tac ggt 116272 Gln Tyr Gly
gac gtg Asp Val 19675	ttt aaa gga gat ctt Phe Lys Gly Asp Leu 19680	aat cca aaa ccc caa Asn Pro Lys Pro Gln 19685	ggc caa aga 116317 Gly Gln Arg
ctc att Leu Ile 19690	gag gtg tca gtg gaa Glu Val Ser Val Glu 19695	gaa aat cac ccg ttt Glu Asn His Pro Phe 19700	act tta cgc 116362 Thr Leu Arg
gca ccg Ala Pro 19705	att cag cgg att tat Ile Gln Arg Ile Tyr 19710	gga gtc cgg tac acc Gly Val Arg Tyr Thr 19715	gag act tgg 116407 Glu Thr Trp
agc ttt Ser Phe 19720	ttg ccg tca tta acc Leu Pro Ser Leu Thr 19725	tgt acg gga gac gca Cys Thr Gly Asp Ala 19730	gcg ccc gcc 116452 Ala Pro Ala
atc cag Ile Gln 19735	cat ata tgt tta aaa His Ile Cys Leu Lys 19740	cat aca aca tgc ttt His Thr Thr Cys Phe 19745	caa gac gtg 116497 Gln Asp Val

gtg gtg gat gtg gat tgc gcg gaa aat act aaa gag gat cag ttg 116542
Val Val Asp Val Asp Cys Ala Glu Asn Thr Lys Glu Asp Gln Leu
19750 19755 19760

gcc gaa atc agt tac cgt ttt caa ggt aag aag gaa gcg gac caa 116587
Ala Glu Ile Ser Tyr Arg Phe Gln Gly Lys Lys Glu Ala Asp Gln
19765 19770 19775

ccg tgg att gtt gta aac acg agc aca ctg ttt gat gaa ctc gaa 116632
Pro Trp Ile Val Val Asn Thr Ser Thr Leu Phe Asp Glu Leu Glu
19780 19785 19790

tta gac ccc ccc gag att gaa ccg ggt gtc ttg aaa gta ctt cgg 116677
Leu Asp Pro Pro Glu Ile Glu Pro Gly Val Leu Lys Val Leu Arg
19795 19800 19805

aca gaa aaa caa tac ttg ggt gtg tac att tgg aac atg cgc ggc 116722
Thr Glu Lys Gln Tyr Leu Gly Val Tyr Ile Trp Asn Met Arg Gly
19810 19815 19820

tcc gat ggt acg tct acc tac gcc acg ttt ttg gtc acc tgg aaa 116767
Ser Asp Gly Thr Ser Thr Tyr Ala Thr Phe Leu Val Thr Trp Lys
19825 19830 19835

ggg gat gaa aaa aca aga aac cct acg ccc gca gta act cct caa 116812
Gly Asp Glu Lys Thr Arg Asn Pro Thr Pro Ala Val Thr Pro Gln
19840 19845 19850

cca aga ggg gct gag ttt cat atg tgg aat tac cac tcg cat gta 116857
Pro Arg Gly Ala Glu Phe His Met Trp Asn Tyr His Ser His Val
19855 19860 19865

ttt tca gtt ggt gat acg ttt agc ttg gca atg cat ctt cag tat 116902
Phe Ser Val Gly Asp Thr Phe Ser Leu Ala Met His Leu Gln Tyr
19870 19875 19880

aag ata cat gaa gcg cca ttt gat ttg ctg tta gag tgg ttg tat 116947
Lys Ile His Glu Ala Pro Phe Asp Leu Leu Leu Glu Trp Leu Tyr
19885 19890 19895

gtc ccc atc gat cct aca tgt caa cca atg cgg tta tat tct acg 116992
Val Pro Ile Asp Pro Thr Cys Gln Pro Met Arg Leu Tyr Ser Thr
19900 19905 19910

tgt ttg tat cat ccc aac gca ccc caa tgc ctc tct cat atg aat 117037
Cys Leu Tyr His Pro Asn Ala Pro Gln Cys Leu Ser His Met Asn
19915 19920 19925

tcc ggt tgt aca ttt acc tcg cca cat tta gcc cag cgt gtt gca 117082

Ser Gly 19930	Cys Thr Phe Thr Ser 19935	Pro His Leu Ala Gln 19940	Arg Val Ala
agc aca Ser Thr 19945	gtg tat caa aat tgt Val Tyr Gln Asn Cys 19950	gaa cat gca gat aac Glu His Ala Asp Asn 19955	tac acc gca 117127 Tyr Thr Ala
tat tgt Tyr Cys 19960	ctg gga ata tct cat Leu Gly Ile Ser His 19965	atg gag cct agc ttt Met Glu Pro Ser Phe 19970	ggg cta atc 117172 Gly Leu Ile
tta cac Leu His 19975	gac ggg ggc acc acg Asp Gly Gly Thr Thr 19980	tta aag ttt gta gat Leu Lys Phe Val Asp 19985	aca ccc gag 117217 Thr Pro Glu
agt ttg Ser Leu 19990	tcg gga tta tac gtt Ser Gly Leu Tyr Val 19995	ttt gtg gtg tat ttt Phe Val Val Tyr Phe 20000	aac ggg cat 117262 Asn Gly His
gtt gaa Val Glu 20005	gcc gta gca tac act Ala Val Ala Tyr Thr 20010	gtt gta tcc aca gta Val Val Ser Thr Val 20015	gat cat ttt 117307 Asp His Phe
gta aac Val Asn 20020	gca att gaa gag cgt Ala Ile Glu Glu Arg 20025	gga ttt ccg cca acg Gly Phe Pro Pro Thr 20030	gcc ggt cag 117352 Ala Gly Gln
cca ccg Pro Pro 20035	gcg act act aaa ccc Ala Thr Thr Lys Pro 20040	aag gaa att acc ccc Lys Glu Ile Thr Pro 20045	gta aac ccc 117397 Val Asn Pro
gga acg Gly Thr 20050	tca cca ctt cta cga Ser Pro Leu Leu Arg 20055	tat gcc gca tgg acc Tyr Ala Ala Trp Thr 20060	gga ggg ctt 117442 Gly Gly Leu
gca gca Ala Ala 20065	gta gta ctt tta tgt Val Val Leu Leu Cys 20070	ctc gta ata ttt tta Leu Val Ile Phe Leu 20075	atc tgt acg 117487 Ile Cys Thr
gct aaa Ala Lys 20080	cga atg agg gtt aaa Arg Met Arg Val Lys 20085	gcc tat agg gta gac Ala Tyr Arg Val Asp 20090	aag tcc ccg 117532 Lys Ser Pro
tat aac Tyr Asn 20095	caa agc atg tat tac Gln Ser Met Tyr Tyr 20100	gct ggc ctt cca gtg Ala Gly Leu Pro Val 20105	gac gat ttc 117577 Asp Asp Phe
gag gac Glu Asp 20110	tcg gaa tct acg gat Ser Glu Ser Thr Asp 20115	acg gaa gaa gag ttt Thr Glu Glu Glu Phe 20120	ggg aac gcg 117622 Gly Asn Ala

att gga ggg agt cac ggg ggt tcg agt tac acg gtg tat ata gat 117667
 Ile Gly Gly Ser His Gly Gly Ser Ser Tyr Thr Val Tyr Ile Asp
 20125 20130 20135

aag acc cgg tga tcaccgaacc ggggcaacgc cgagcgtgta aatttaaata 117719
 Lys Thr Arg
 20140

aaaaacagta cgcttttatc cgggtgtatgt tttaaattta tttttttttt ctatataaag 117779
 ggatgggggtg tcaggatctc tcgtaggttc ttgggactcc aagggacccg cagcccaggt 117839
 acgcgtcaaa aagcctgtga caaatccccc cggggcggtc atataattcg gcgcgggatgc 117899
 atttattatc gggcgacaat ccaatagtcg gaagtccggc gtgtcccaaa cagcaccaat 117959
 atgccatcaa tatcagccgc tcgctgagct ccagatgcga ttgtggatcc ggcatgcatt 118019
 gctcgcgtaa taacgataac accgctctgc ggatcggcgg aaccgagggt ggacgttgtc 118079
 tatccgctgc gagtccccc cacatccgtc cgaaggcgtc ctttgccctc cccacaaaac 118139
 tcgcgcacgg tctctcggag gggctgtgta taaaagcctc gtaggcctcg gtagatatgg 118199
 cgcatagcgc ggccggcgaag taccgttcgg cgtcgttcat gagagcctgg tgcgcggggg 118259
 tatcgtgtcg tgtgcagtaa agtccggcat attcaccgcc cgggtgctca ccgcgggatc 118319
 cgcagagatt cataccacac ggcccgtgtg gggaccccgt gggttaatgg agacgttcaa 118379
 accagcacc cttaccctct aatatccaca acacccact ccccccacaga cagacatcaa 118439
 aaaaagacac gagccaaacc attgtattta ttataaaga ctacacgcca tggggggggcg 118499
 gtatatcatg ccggcgcggg gcttcgtgtc gacgtcgctt ccaatctaca cccccctgc 118559
 ccaacgcggt gagcgcttcc gcggctgtat attccgcggt ttctgcaccc gcgtatcgct 118619
 cgatggcacg ctgggggtctc tttggggacg ggggtgtgca cccatccccg tctcgataac 118679
 aatcgccggg taccctgtct ggttcacaag aatcggtgct ctctctgat tcttcttcca 118739
 ctataaagtc ttccccgtcc gatgattccg cgtcggaatc ccgaaattca attacatccg 118799
 atggcgtaga cccatcatcg tcgctatcgt ctaccacc atcatcagat acgtcacatt 118859
 ccagtgcgct cctatgcaa ggaacattcg gcgcctcaat gaaccgtct tcccccgag 118919
 ggggtcgatg ggacacttcc attaaagtag cgcgtaagca ctgcgtctgg gtgggttgaa 118979

gctgtaacaa ttcctcccag cacgctaacg tgggacgctg tctggtgcga cccattagat 119039
aaaagtcgag gcatatgcgc cgcaatcttc gtgaatctcg cgtgacgcgt cccgacgact 119099
gtgcaataca taaaaaaaca cggttgatgt cctcaacgag cctggccggg tggatctccc 119159
aaccgaggat acaaaacgcg cgggggcccc gcgacgtatc ccggccgttc aggggtcctg 119219
gtgcagatcc atattccatc tttccgttaa catcaaccga tgccccgggt tttgactcgg 119279
acgagtcgcc ccgcgtagcc ggtgagggtgc aaaacatgtc cttggggccg tagtaacctt 119339
ttcccttaaa accgactcga cgctgtcgcg ttatgaatcg gacgaaccct gcacaacaaa 119399
acacacaccc aaacgtttac atctatgaat aaggctactt gggtaaaatg gcaatggggg 119459
attccggggc gggagacctt cgattgggtt gcctttataa caccaaaaaa aggggggggc 119519
cccgtgtgtt tttttttatc acgtcaaadc gattttaaaa agcctgccgc tccatttggg 119579
atatatatat tctgtgaaaa gcccgccac acccataaa accgcgacat cgcggggaaca 119639
cgcggaaca agaaactctc tctctttctc tatatatata tatatatata tatatatata 119699
tagaaagaaa gtgcgaacgg tggttggaca catgccaaaa catgaaaacc catacagtga 119759
aaaaacggga agtgcgaatg cagatcaaaa gagtgtatcc gattggcgta caccacagac 119819
atgcggacgc ccaatttaac cccccccctt tttaccccc ccaccccacc ccattccacc 119879
ccaggaagtg cgaacgggtt tacatgcctc agatatgaag ttcttcgact tgtttttgaa 119939
taaatttttt tgtgattttc tacaacgggt tagagaatta tggttataaa catcggcggg 119999
gtaccgcgcc ccctccccat cggcggggta ccgcgcccc tccccatcg cggggtaccg 120059
cgccccctcc ccatcggcgg ggtaccgcgc cccctccca tcggcggggt accgcgcccc 120119
ctccccatcg gcgggggggt acgtgaacac cacaaccccg tgtgtatttt atgggttatc 120179
gcgggcttcg tgccgcctga cataatcggt gggaggggtg gtggtgtata cgcttggtga 120239
ttgcgcgaac gtaatgacga cggagaggga ccaaacaca ccgtcgacgt gcatttgatt 120299
aactagatgc cggatgggtg gaaacaaccc gtgttatata agatgttttg catgtgagac 120359
aaccccaatt gtgtttatgt atattatata tcgtctgtag acacacgatg attggttgtt 120419
atttaaacad atgtaaatga aattcacatg tctggtatcc cttgttatga tgttgtaagg 120479

tatgcggaaa tagacaccgg gcgtacatcg ccaaccagcg gtctctcctt aaacgcatac 120539

tatggtccat gaacttcccg cctcgagtct cgtccaatca ctacatcgtc ttatcattaa 120599

gaatatttac acggtgacga cacggggagg aaatatgcgg tcgagggggg ggcacaacac 120659

gttttaagta ctgttggaac tccctcacca accgcaatcg caatcctttg aaggctgcga 120719

gagcgtttgg aaaactcggg tacgtctaaa ttcaccccag tgcg atg gat acg 120772
Met Asp Thr

ccg ccg atg cag cgc tct aca ccc caa cgc gcg ggg tcg cct gat 120817
Pro Pro Met Gln Arg Ser Thr Pro Gln Arg Ala Gly Ser Pro Asp
20145 20150 20155

act ttg gag tta atg gac ctg ttg gac gcg gcc gcg gcg gcc gcc 120862
Thr Leu Glu Leu Met Asp Leu Leu Asp Ala Ala Ala Ala Ala Ala
20160 20165 20170

gaa cac agg gcc cgg gtg gtc acc tcg agt cag cct gac gat cta 120907
Glu His Arg Ala Arg Val Val Thr Ser Ser Gln Pro Asp Asp Leu
20175 20180 20185

cta ttt gga gag aac ggg gtc atg gtg gga cgg gaa cac gag atc 120952
Leu Phe Gly Glu Asn Gly Val Met Val Gly Arg Glu His Glu Ile
20190 20195 20200

gtt tca att ccc tcc gta tcg gga ctt caa cca gaa ccc aga acg 120997
Val Ser Ile Pro Ser Val Ser Gly Leu Gln Pro Glu Pro Arg Thr
20205 20210 20215

gaa gat gtt ggc gaa gag cta aca caa gac gac tac gta tgc gag 121042
Glu Asp Val Gly Glu Glu Leu Thr Gln Asp Asp Tyr Val Cys Glu
20220 20225 20230

gac ggt cag gat cta atg ggc tcg cct gta atc ccg ctg gcc gag 121087
Asp Gly Gln Asp Leu Met Gly Ser Pro Val Ile Pro Leu Ala Glu
20235 20240 20245

gtc ttc cac acc cga ttc tcg gag gcc ggc gcg cga gaa cca aca 121132
Val Phe His Thr Arg Phe Ser Glu Ala Gly Ala Arg Glu Pro Thr
20250 20255 20260

gga gcc gat cgc tcc ctt gag aca gtc tct ctc gga acg aag ctt 121177
Gly Ala Asp Arg Ser Leu Glu Thr Val Ser Leu Gly Thr Lys Leu
20265 20270 20275

gct agg tct cca aaa cca ccg atg aac gat ggg gaa acg ggc aga 121222

Ala 20280	Arg Ser Pro Lys Pro 20285	Pro Met Asn Asp Gly 20290	Glu Thr Gly Arg
ggt Gly 20295	acg acc cct ccg ttc Thr Thr Pro Pro Phe 20300	ccg cag gcc ttc tcc Pro Gln Ala Phe Ser 20305	cct gta tcc ccc 121267 Pro Val Ser Pro
gcg Ala 20310	tct cct gtt gga gac Ser Pro Val Gly Asp 20315	gcc gcc ggg aac gat Ala Ala Gly Asn Asp 20320	caa cgg gaa gac 121312 Gln Arg Glu Asp
cag Gln 20325	cgg tct ata ccc cga Arg Ser Ile Pro Arg 20330	caa acg acg aga gga Gln Thr Thr Arg Gly 20335	aat tca cca ggt 121357 Asn Ser Pro Gly
ttg Leu 20340	ccg tcg gtg gtc cat Pro Ser Val Val His 20345	cga gac aga caa act Arg Asp Arg Gln Thr 20350	cag tcc atc tcg 121402 Gln Ser Ile Ser
ggt Gly 20355	aaa aag ccg ggc gat Lys Lys Pro Gly Asp 20360	gag caa gcg ggt cat Glu Gln Ala Gly His 20365	gcg cat gca tcg 121447 Ala His Ala Ser
ggg Gly 20370	gac gga gta gtt ctc Asp Gly Val Val Leu 20375	cag aaa act caa ccg Gln Lys Thr Gln Arg 20380	ccc gct cag gga 121492 Pro Ala Gln Gly
aag Lys 20385	agc ccg aag aaa aag Ser Pro Lys Lys Lys 20390	act ttg aag gtt aag Thr Leu Lys Val Lys 20395	gtc cca ctc ccg 121537 Val Pro Leu Pro
gcg Ala 20400	cgg aaa ccc ggt gga Arg Lys Pro Gly Gly 20405	cct gta ccc ggc ccg Pro Val Pro Gly Pro 20410	gtt gag caa ttg 121582 Val Glu Gln Leu
tac Tyr 20415	cac gtc ctt tcg gac His Val Leu Ser Asp 20420	agc gtt ccc gct aag Ser Val Pro Ala Lys 20425	ggg gca aag gcg 121627 Gly Ala Lys Ala
gac Asp 20430	ctg ccg ttt gag acc Leu Pro Phe Glu Thr 20435	gat gat acc cgc cca Asp Asp Thr Arg Pro 20440	agg aaa cat gat 121672 Arg Lys His Asp
gcc Ala 20445	cgg ggt ata aca cct Arg Gly Ile Thr Pro 20450	cgc gtc cct gga cgt Arg Val Pro Gly Arg 20455	tcg tcg ggg ggc 121717 Ser Ser Gly Gly
aaa Lys 20460	cct aga gcg ttt ttg Pro Arg Ala Phe Leu 20465	gcc ctg ccg gga aga Ala Leu Pro Gly Arg 20470	tcc cac gca cca 121762 Ser His Ala Pro

gac ccg att gag gat gac agc cca gtg gag aaa aag cca aag agt 121807
 Asp Pro Ile Glu Asp Asp Ser Pro Val Glu Lys Lys Pro Lys Ser
 20475 20480 20485

cgt gag ttt gtt tcg tct tca tcc tct tcc tcg tcg tgg gga tcg 121852
 Arg Glu Phe Val Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Trp Gly Ser
 20490 20495 20500

tca tcg gag gat gaa gac gat gaa ccc cgg cgc gtt tcg gtg gga 121897
 Ser Ser Glu Asp Glu Asp Asp Glu Pro Arg Arg Val Ser Val Gly
 20505 20510 20515

agt gaa act aca ggc agc agg tcc gga cgc gaa cac gcc cct tcc 121942
 Ser Glu Thr Thr Gly Ser Arg Ser Gly Arg Glu His Ala Pro Ser
 20520 20525 20530

ccg tca aat tcg gat gat tcg gac tca aat gat ggt ggg tcg acg 121987
 Pro Ser Asn Ser Asp Asp Ser Asp Ser Asn Asp Gly Gly Ser Thr
 20535 20540 20545

aaa caa aat atc caa ccg gga tat cga tcc atc agc ggt ccc gat 122032
 Lys Gln Asn Ile Gln Pro Gly Tyr Arg Ser Ile Ser Gly Pro Asp
 20550 20555 20560

ccg agg att cgt aag acc aaa cgt ctt gcg ggg gaa ccg ggg cgc 122077
 Pro Arg Ile Arg Lys Thr Lys Arg Leu Ala Gly Glu Pro Gly Arg
 20565 20570 20575

cag aga cag aaa tca ttt tcc ctg ccg cga tcc aga acc ccg ata 122122
 Gln Arg Gln Lys Ser Phe Ser Leu Pro Arg Ser Arg Thr Pro Ile
 20580 20585 20590

att ccc ccg gtg tcg ggg ccg ctc atg atg ccc gac gga agc cct 122167
 Ile Pro Pro Val Ser Gly Pro Leu Met Met Pro Asp Gly Ser Pro
 20595 20600 20605

tgg ccc gga tcg gca ccc ctc cca tcc aac agg gtg cgg ttt gga 122212
 Trp Pro Gly Ser Ala Pro Leu Pro Ser Asn Arg Val Arg Phe Gly
 20610 20615 20620

ccg tcc ggg gag acc aga gag ggt cac tgg gag gat gag gct gtg 122257
 Pro Ser Gly Glu Thr Arg Glu Gly His Trp Glu Asp Glu Ala Val
 20625 20630 20635

aga gcg gcg cgg gct cgt tac gag gcc tca acg gaa ccc gtg ccg 122302
 Arg Ala Ala Arg Ala Arg Tyr Glu Ala Ser Thr Glu Pro Val Pro
 20640 20645 20650

ctt tac gtg ccg gag ttg gga gat ccg gct aga cag tac cgc gcg 122347

Leu 20655	Tyr Val Pro Glu	Leu 20660	Gly Asp Pro Ala Arg	Gln Tyr Arg Ala	
ctg 20670	att aac ctg atc tac	tgt cca gac aga gac	cct ata gca tgg	122392	
Leu 20670	Ile Asn Leu Ile Tyr	Cys Pro Asp Arg Asp	Pro Ile Ala Trp		
ctc 20685	cag aac ccc aag ctg	acc ggt gtc aac tcg	gcc ctg aac cag	122437	
Leu 20685	Gln Asn Pro Lys Leu	Thr Gly Val Asn Ser	Ala Leu Asn Gln		
ttc 20700	tac caa aag ctg ttg	cca ccg gga cgg gcg	ggt acc gcc gtt	122482	
Phe 20700	Tyr Gln Lys Leu Leu	Pro Pro Gly Arg Ala	Gly Thr Ala Val		
acg 20715	ggg agc gta gcg tct	ccc gtt ccg cat gta	ggc gaa gcc atg	122527	
Thr 20715	Gly Ser Val Ala Ser	Pro Val Pro His Val	Gly Glu Ala Met		
gcc 20730	acg ggg gag gcc ctc	tgg gct ctc ccc cac	gcg gcc gcg gcc	122572	
Ala 20730	Thr Gly Glu Ala Leu	Trp Ala Leu Pro His	Ala Ala Ala Ala		
gtg 20745	gct atg agc cgt cga	tac gac cgg gcc caa	aaa cac ttt atc	122617	
Val 20745	Ala Met Ser Arg Arg	Tyr Asp Arg Ala Gln	Lys His Phe Ile		
cta 20760	cag agt ctc cgc aga	gcc ttt gcc agc atg	gca tac ccc gag	122662	
Leu 20760	Gln Ser Leu Arg Arg	Ala Phe Ala Ser Met	Ala Tyr Pro Glu		
gca 20775	acg ggc tcc agt ccg	gcg gcg cgg atc tcc	cgc ggt cac cct	122707	
Ala 20775	Thr Gly Ser Ser Pro	Ala Ala Arg Ile Ser	Arg Gly His Pro		
tct 20790	cca aca acc ccg gcc	aca cag gct ccc gac	cct cag ccg tcg	122752	
Ser 20790	Pro Thr Thr Pro Ala	Thr Gln Ala Pro Asp	Pro Gln Pro Ser		
gcc 20805	gcc gca cgc tct ctt	tct gtg tgt cca ccg	gat gat cgt tta	122797	
Ala 20805	Ala Ala Arg Ser Leu	Ser Val Cys Pro Pro	Asp Asp Arg Leu		
cga 20820	act ccg cgc aag cgc	aag tcc cag cca gtc	gag agc aga agc	122842	
Arg 20820	Thr Pro Arg Lys Arg	Lys Ser Gln Pro Val	Glu Ser Arg Ser		
ctc 20835	ctc gac aag att agg	gag aca ccc gtc gcg	gac gcc ccg gtt	122887	
Leu 20835	Leu Asp Lys Ile Arg	Glu Thr Pro Val Ala	Asp Ala Arg Val		

gca Ala 20850	gac Asp	gat Asp	cat His	gtg Val	gtt Val 20855	tcc Ser	aag Lys	gcc Ala	aag Lys	agg Arg 20860	cgg Arg	gta Val	tcc Ser	gag Glu	122932
ccc Pro 20865	gtg Val	acc Thr	atc Ile	acc Thr	tcg Ser 20870	ggc Gly	cct Pro	gtg Val	gtg Val	gat Asp 20875	ccc Pro	ccc Pro	gcc Ala	gta Val	122977
ata Ile 20880	acg Thr	atg Met	cca Pro	ctt Leu	gac Asp 20885	gga Gly	ccg Pro	gcc Ala	cca Pro	aac Asn 20890	ggg Gly	gga Gly	ttt Phe	cgg Arg	123022
cgt Arg 20895	att Ile	ccc Pro	cgg Arg	ggg Gly	gcc Ala 20900	ctg Leu	cat His	acc Thr	ccg Pro	gtc Val 20905	ccg Pro	tcg Ser	gac Asp	cag Gln	123067
gct Ala 20910	cgc Arg	aag Lys	gcg Ala	tac Tyr	tgt Cys 20915	acc Thr	ccc Pro	gaa Glu	acc Thr	atc Ile 20920	gcc Ala	cgt Arg	ctg Leu	gtc Val	123112
gac Asp 20925	gac Asp	cca Pro	ttg Leu	ttt Phe	ccc Pro 20930	acg Thr	gcc Ala	tgg Trp	cgc Arg	cct Pro 20935	gcg Ala	cta Leu	agc Ser	ttt Phe	123157
gat Asp 20940	ccc Pro	ggc Gly	gcc Ala	ttg Leu	gcg Ala 20945	gaa Glu	atc Ile	gcc Ala	gct Ala	cgg Arg 20950	cgt Arg	ccg Pro	ggc Gly	gga Gly	123202
gga Gly 20955	gac Asp	cga Arg	cgg Arg	ttt Phe	ggt Gly 20960	cca Pro	ccc Pro	agc Ser	gga Gly	gtg Val 20965	gag Glu	gcg Ala	ctg Leu	cga Arg	123247
cgg Arg 20970	agg Arg	tgc Cys	gcc Ala	tgg Trp	atg Met 20975	cgg Arg	cag Gln	atc Ile	cca Pro	gac Asp 20980	ccg Pro	gag Glu	gat Asp	gtg Val	123292
agg Arg 20985	ctt Leu	ctg Leu	atc Ile	atc Ile	tac Tyr 20990	gat Asp	ccg Pro	ttg Leu	ccc Pro	gga Gly 20995	gag Glu	gac Asp	atc Ile	aac Asn	123337
ggc Gly 21000	ccc Pro	ctc Leu	gag Glu	agc Ser	acc Thr 21005	ctc Leu	gcg Ala	aca Thr	gat Asp	ccg Pro 21010	gga Gly	ccg Pro	tca Ser	tgg Trp	123382
agt Ser 21015	cca Pro	tcc Ser	cga Arg	ggg Gly	gga Gly 21020	ctg Leu	tct Ser	gtg Val	gtc Val	ctg Leu 21025	gca Ala	gcc Ala	ctg Leu	agt Ser	123427
aac	cgg	ttg	tgc	ctg	ccg	agc	act	cat	gcc	tgg	gcc	ggg	aac	tgg	123472

Asn	Arg	Leu	Cys	Leu	Pro	Ser	Thr	His	Ala	Trp	Ala	Gly	Asn	Trp
21030					21035					21040				
acc	ggc	ccg	ccg	gac	gtg	tcc	gct	ttg	aac	gcc	cgg	ggc	gtt	tta
Thr	Gly	Pro	Pro	Asp	Val	Ser	Ala	Leu	Asn	Ala	Arg	Gly	Val	Leu
21045					21050					21055				
tta	ctg	tcg	acc	cga	gac	ctg	gcc	ttt	gcc	ggg	gcc	gtc	gag	tat
Leu	Leu	Ser	Thr	Arg	Asp	Leu	Ala	Phe	Ala	Gly	Ala	Val	Glu	Tyr
21060					21065					21070				
cta	ggc	tcg	cgg	ttg	gcc	tct	gcc	cgg	cgc	cgg	ttg	ctg	gtg	ttg
Leu	Gly	Ser	Arg	Leu	Ala	Ser	Ala	Arg	Arg	Arg	Leu	Leu	Val	Leu
21075					21080					21085				
gac	gcg	gtg	gcc	ctc	gag	agg	tgg	ccc	agg	gat	gga	ccc	gct	ttg
Asp	Ala	Val	Ala	Leu	Glu	Arg	Trp	Pro	Arg	Asp	Gly	Pro	Ala	Leu
21090					21095					21100				
tct	cag	tat	cac	gtg	tac	gtc	cgg	gcc	ccg	gcg	cga	ccg	gac	gcc
Ser	Gln	Tyr	His	Val	Tyr	Val	Arg	Ala	Pro	Ala	Arg	Pro	Asp	Ala
21105					21110					21115				
cag	gcc	gtc	gtc	cga	tgg	cca	gac	tcg	gcg	gtc	aca	gaa	gga	ctc
Gln	Ala	Val	Val	Arg	Trp	Pro	Asp	Ser	Ala	Val	Thr	Glu	Gly	Leu
21120					21125					21130				
gcc	cgg	gcc	gtg	ttt	gca	tcg	tcg	cgc	acc	ttt	ggg	cca	gcg	agt
Ala	Arg	Ala	Val	Phe	Ala	Ser	Ser	Arg	Thr	Phe	Gly	Pro	Ala	Ser
21135					21140					21145				
ttt	gct	cgt	atc	gag	act	gcg	ttt	gcc	aac	ctg	tac	ccg	ggc	gaa
Phe	Ala	Arg	Ile	Glu	Thr	Ala	Phe	Ala	Asn	Leu	Tyr	Pro	Gly	Glu
21150					21155					21160				
caa	ccc	ctg	tgt	ttg	tgc	cgc	ggt	ggg	aac	gtc	gca	tac	acc	gtg
Gln	Pro	Leu	Cys	Leu	Cys	Arg	Gly	Gly	Asn	Val	Ala	Tyr	Thr	Val
21165					21170					21175				
tgt	acc	cgc	gcg	ggc	ccc	aag	acc	cgc	gtc	ccc	ctg	tcg	ccc	cgt
Cys	Thr	Arg	Ala	Gly	Pro	Lys	Thr	Arg	Val	Pro	Leu	Ser	Pro	Arg
21180					21185					21190				
gaa	tac	cgg	cag	tac	gtg	ctg	ccg	ggt	ttt	gac	ggt	tgc	aag	gac
Glu	Tyr	Arg	Gln	Tyr	Val	Leu	Pro	Gly	Phe	Asp	Gly	Cys	Lys	Asp
21195					21200					21205				
ctc	gcg	cga	cag	tct	cgg	ggt	ctg	ggg	ctc	ggg	gca	gcc	gac	ttt
Leu	Ala	Arg	Gln	Ser	Arg	Gly	Leu	Gly	Leu	Gly	Ala	Ala	Asp	Phe
21210					21215					21220				

gtg gac gag gcg gca cat agc cac cgc gca gca aac cga tgg ggc 124057
 Val Asp Glu Ala Ala His Ser His Arg Ala Ala Asn Arg Trp Gly
 21225 21230 21235

ctg ggt gcc gcg ctt cga ccc gtc ttc ctt ccc gag gga cgg aga 124102
 Leu Gly Ala Ala Leu Arg Pro Val Phe Leu Pro Glu Gly Arg Arg
 21240 21245 21250

ccg ggg gcc gcc ggg ccg gag gcc ggc gac gta ccc acc tgg gcg 124147
 Pro Gly Ala Ala Gly Pro Glu Ala Gly Asp Val Pro Thr Trp Ala
 21255 21260 21265

agg gtg ttt tgc cgc cac gcc ctg ctg gaa ccc gag cct gcc gca 124192
 Arg Val Phe Cys Arg His Ala Leu Leu Glu Pro Asp Pro Ala Ala
 21270 21275 21280

gaa cca ctc gtg ctt cca ccc gtg gcc ggt cgg tcg gtg gcg ctg 124237
 Glu Pro Leu Val Leu Pro Pro Val Ala Gly Arg Ser Val Ala Leu
 21285 21290 21295

tat gcg tcg gcg gac gag gct cgg aat gcc ctc ccc ccg att ccc 124282
 Tyr Ala Ser Ala Asp Glu Ala Arg Asn Ala Leu Pro Pro Ile Pro
 21300 21305 21310

aga gta atg tgg ccg ccc ggt ttt ggg gcc gcg gag acg gtg ttg 124327
 Arg Val Met Trp Pro Pro Gly Phe Gly Ala Ala Glu Thr Val Leu
 21315 21320 21325

gag ggg agc gac gga aca cgg ttc gtg ttc gga cac cac ggg ggc 124372
 Glu Gly Ser Asp Gly Thr Arg Phe Val Phe Gly His His Gly Gly
 21330 21335 21340

tcg gaa cgg ccg tca gaa acc cag gcg ggg cga cag cgg cgc acc 124417
 Ser Glu Arg Pro Ser Glu Thr Gln Ala Gly Arg Gln Arg Arg Thr
 21345 21350 21355

gca gac gac aga gaa cac gct ttg gag ctg gac gat tgg gag gtg 124462
 Ala Asp Asp Arg Glu His Ala Leu Glu Leu Asp Asp Trp Glu Val
 21360 21365 21370

ggg tgt gaa gac gcg tgg gag agc gag gag ggg ggc ggg gac gac 124507
 Gly Cys Glu Asp Ala Trp Asp Ser Glu Glu Gly Gly Gly Asp Asp
 21375 21380 21385

ggg gac gca ccg ggg tca tcc ttt ggg gtg agc atc gtg tcg gtg 124552
 Gly Asp Ala Pro Gly Ser Ser Phe Gly Val Ser Ile Val Ser Val
 21390 21395 21400

gcc ccg ggt gtg ctg cga gag cgc cgg gtg ggt ttg cgc ccg gcg 124597

Ala Pro Gly Val Leu Arg Asp Arg Arg Val Gly Leu Arg Pro Ala
 21405 21410 21415

gtc aag gtg gag ctg ttg tcc tcg tcc tcg tcc tcc gag gac gag 124642
 Val Lys Val Glu Leu Leu Ser Ser Ser Ser Ser Ser Glu Asp Glu
 21420 21425 21430

gac gat gtg tgg gga ggg cgc ggg ggg agg agc ccc ccg cag agt 124687
 Asp Asp Val Trp Gly Gly Arg Gly Gly Arg Ser Pro Pro Gln Ser
 21435 21440 21445

cgg ggg tga cggagtcgcc tcctttttctc gtgagcgcca ctggcgcgcg 124736
 Arg Gly
 21450

gactgtttgt tgtaataaaa agcgggaacgg tttttatgaa aaaagtgtct gtctgtctgt 124796

gcgggcgggc gacgggcggg ctggtcggac cccccccga aaataacccc cccccggttt 124856

ctgggcgccc ggcggacccc gggagagg 124884

<210> 9
 <211> 238
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 9

Met His Val Ile Ser Glu Thr Leu Ala Tyr Gly His Val Pro Ala Phe
 1 5 10 15

Ile Met Gly Ser Thr Leu Val Arg Pro Ser Leu Asn Ala Thr Ala Glu
 20 25 30

Glu Asn Pro Ala Ser Glu Thr Arg Cys Leu Leu Arg Val Leu Ala Gly
 35 40 45

Arg Thr Val Asp Leu Pro Gly Gly Gly Thr Leu His Ile Thr Cys Thr
 50 55 60

Lys Thr Tyr Val Ile Ile Gly Lys Tyr Ser Lys Pro Gly Glu Arg Leu
 65 70 75 80

Ser Leu Ala Arg Leu Ile Gly Arg Ala Met Thr Pro Gly Gly Ala Arg

85

90

95

Thr Phe Ile Ile Leu Ala Met Lys Glu Lys Arg Ser Thr Thr Leu Gly
 100 105 110

Tyr Glu Cys Gly Thr Gly Leu His Leu Leu Ala Pro Ser Met Gly Thr
 115 120 125

Phe Leu Arg Thr His Gly Leu Ser Asn Arg Asp Leu Cys Leu Trp Arg
 130 135 140

Gly Asn Ile Tyr Asp Met His Met Gln Arg Leu Met Phe Trp Glu Asn
 145 150 155 160

Ile Ala Gln Asn Thr Thr Glu Thr Pro Cys Ile Thr Ser Thr Leu Thr
 165 170 175

Cys Asn Leu Thr Glu Asp Ser Gly Glu Ala Ala Leu Thr Thr Ser Asp
 180 185 190

Arg Pro Thr Leu Pro Thr Leu Thr Ala Gln Gly Arg Pro Thr Val Ser
 195 200 205

Asn Ile Arg Gly Ile Leu Lys Gly Ser Pro Arg Gln Gln Pro Val Cys
 210 215 220

His Arg Val Arg Phe Ala Glu Pro Thr Glu Gly Val Leu Met
 225 230 235

<210> 10

<211> 259

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 10

Met Gln Thr Val Cys Ala Ser Leu Cys Gly Tyr Ala Arg Ile Pro Thr
 1 5 10 15

Glu Glu Pro Ser Tyr Glu Glu Val Arg Val Asn Thr His Pro Gln Gly
20 25 30

Ala Ala Leu Leu Arg Leu Gln Glu Ala Leu Thr Ala Val Asn Gly Leu
35 40 45

Leu Pro Ala Pro Leu Thr Leu Glu Asp Val Val Ala Ser Ala Asp Asn
50 55 60

Thr Arg Arg Leu Val Arg Ala Gln Ala Leu Ala Arg Thr Tyr Ala Ala
65 70 75 80

Cys Ser Arg Asn Ile Glu Cys Leu Lys Gln His His Phe Thr Glu Asp
85 90 95

Asn Pro Gly Leu Asn Ala Val Val Arg Ser His Met Glu Asn Ser Lys
100 105 110

Arg Leu Ala Asp Met Cys Leu Ala Ala Ile Thr His Leu Tyr Leu Ser
115 120 125

Val Gly Ala Val Asp Val Thr Thr Asp Asp Ile Val Asp Gln Thr Leu
130 135 140

Arg Met Thr Ala Glu Ser Glu Val Val Met Ser Asp Val Val Leu Leu
145 150 155 160

Glu Lys Thr Leu Gly Val Val Ala Lys Pro Gln Ala Ser Phe Asp Val
165 170 175

Ser His Asn His Glu Leu Ser Ile Ala Lys Gly Glu Asn Val Gly Leu
180 185 190

Lys Thr Ser Pro Ile Lys Ser Glu Ala Thr Gln Leu Ser Glu Ile Lys
195 200 205

Pro Pro Leu Ile Glu Val Ser Asp Asn Asn Thr Ser Asn Leu Thr Lys
210 215 220

Lys Thr Tyr Pro Thr Glu Thr Leu Gln Pro Val Leu Thr Pro Lys Gln
 225 230 235 240

Thr Gln Asp Val Gln Arg Thr Thr Pro Ala Ile Lys Lys Ser His Val
 245 250 255

Met Leu Val

<210> 11
 <211> 87
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 11

Met Gly Ser Ile Thr Ala Ser Phe Ile Leu Ile Thr Met Gln Ile Leu
 1 5 10 15

Phe Phe Cys Glu Asp Ser Ser Gly Glu Pro Asn Phe Ala Glu Arg Asn
 20 25 30

Phe Trp His Ala Ser Cys Ser Ala Arg Gly Val Tyr Ile Asp Gly Ser
 35 40 45

Met Ile Thr Thr Leu Phe Phe Tyr Ala Ser Leu Leu Gly Val Cys Val
 50 55 60

Ala Leu Ile Ser Leu Ala Tyr His Ala Cys Phe Arg Leu Phe Thr Arg
 65 70 75 80

Ser Val Leu Arg Ser Thr Trp
 85

<210> 12
 <211> 302
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 12

Met Ala Ser Ser Asp Gly Asp Arg Leu Cys Arg Ser Asn Ala Val Arg
 1 5 10 15

Arg Lys Thr Thr Pro Ser Tyr Ser Gly Gln Tyr Arg Thr Ala Arg Arg
 20 25 30

Ser Val Val Val Gly Pro Pro Asp Asp Ser Asp Asp Ser Leu Gly Tyr
 35 40 45

Ile Thr Thr Val Gly Ala Asp Ser Pro Ser Pro Val Tyr Ala Asp Leu
 50 55 60

Tyr Phe Glu His Lys Asn Thr Thr Pro Arg Val His Gln Pro Asn Asp
 65 70 75 80

Ser Ser Gly Ser Glu Asp Asp Phe Glu Asp Ile Asp Glu Val Val Ala
 85 90 95

Ala Phe Arg Glu Ala Arg Leu Arg His Glu Leu Val Glu Asp Ala Val
 100 105 110

Tyr Glu Asn Pro Leu Ser Val Glu Lys Pro Ser Arg Ser Phe Thr Lys
 115 120 125

Asn Ala Ala Val Lys Pro Lys Leu Glu Asp Ser Pro Lys Arg Ala Pro
 130 135 140

Pro Gly Ala Gly Ala Ile Ala Ser Gly Arg Pro Ile Ser Phe Ser Thr
 145 150 155 160

Ala Pro Lys Thr Ala Thr Ser Ser Trp Cys Gly Pro Thr Pro Ser Tyr
 165 170 175

Asn Lys Arg Val Phe Cys Glu Ala Val Arg Arg Val Ala Ala Met Gln
 180 185 190

Ala Gln Lys Ala Ala Glu Ala Ala Trp Asn Ser Asn Pro Pro Arg Asn
 195 200 205

Asn Ala Glu Leu Asp Arg Leu Leu Thr Gly Ala Val Ile Arg Ile Thr
 210 215 220

Val His Glu Gly Leu Asn Leu Ile Gln Ala Ala Asn Glu Ala Asp Leu
 225 230 235 240

Gly Glu Gly Ala Ser Val Ser Lys Arg Gly His Asn Arg Lys Thr Gly
 245 250 255

Asp Leu Gln Gly Gly Met Gly Asn Glu Pro Met Tyr Ala Gln Val Arg
 260 265 270

Lys Pro Lys Ser Arg Thr Asp Thr Gln Thr Thr Gly Arg Ile Thr Asn
 275 280 285

Arg Ser Arg Ala Arg Ser Ala Ser Arg Thr Asp Thr Arg Lys
 290 295 300

<210> 13
 <211> 410
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 13

Met Glu Cys Asn Leu Gly Thr Glu His Pro Ser Thr Asp Thr Trp Asn
 1 5 10 15

Arg Ser Lys Thr Glu Gln Ala Val Val Asp Ala Phe Asp Glu Ser Leu
 20 25 30

Phe Gly Asp Val Ala Ser Asp Ile Gly Phe Glu Thr Ser Leu Tyr Ser
 35 40 45

His Ala Val Lys Thr Ala Pro Ser Pro Pro Trp Val Ala Ser Pro Lys
 50 55 60

Ile Leu Tyr Gln Gln Leu Ile Arg Asp Leu Asp Phe Ser Glu Gly Pro
65 70 75 80

Arg Leu Leu Ser Cys Leu Glu Thr Trp Asn Glu Asp Leu Phe Ser Cys
85 90 95

Phe Pro Ile Asn Glu Asp Leu Tyr Ser Asp Met Met Val Leu Ser Pro
100 105 110

Asp Pro Asp Asp Val Ile Ser Thr Val Ser Thr Lys Asp His Val Glu
115 120 125

Met Phe Asn Leu Thr Thr Arg Gly Ser Val Arg Leu Pro Ser Pro Pro
130 135 140

Lys Gln Pro Thr Gly Leu Pro Ala Tyr Val Gln Glu Val Gln Asp Ser
145 150 155 160

Phe Thr Val Glu Leu Arg Ala Arg Glu Glu Ala Tyr Thr Lys Leu Leu
165 170 175

Val Thr Tyr Cys Lys Ser Ile Ile Arg Tyr Leu Gln Gly Thr Ala Lys
180 185 190

Arg Thr Thr Ile Gly Leu Asn Ile Gln Asn Pro Asp Gln Lys Ala Tyr
195 200 205

Thr Gln Leu Arg Gln Ser Ile Leu Leu Arg Tyr Tyr Arg Glu Val Ala
210 215 220

Ser Leu Ala Arg Leu Leu Tyr Leu His Leu Tyr Leu Thr Val Thr Arg
225 230 235 240

Glu Phe Ser Trp Arg Leu Tyr Ala Ser Gln Ser Ala His Pro Asp Val
245 250 255

Phe Ala Ala Leu Lys Phe Thr Trp Thr Glu Arg Arg Gln Phe Thr Cys

260

265

270

Ala Phe His Pro Val Leu Cys Asn His Gly Ile Val Leu Leu Glu Gly
 275 280 285

Lys Pro Leu Thr Ala Ser Ala Leu Arg Glu Ile Asn Tyr Arg Arg Arg
 290 295 300

Glu Leu Gly Leu Pro Leu Val Arg Cys Gly Leu Val Glu Glu Asn Lys
 305 310 315 320

Ser Pro Leu Val Gln Gln Pro Ser Phe Ser Val His Leu Pro Arg Ser
 325 330 335

Val Gly Phe Leu Thr His His Ile Lys Arg Lys Leu Asp Ala Tyr Ala
 340 345 350

Val Lys His Pro Gln Glu Pro Arg His Val Arg Ala Asp His Pro Tyr
 355 360 365

Ala Lys Val Val Glu Asn Arg Asn Tyr Gly Ser Ser Ile Glu Ala Met
 370 375 380

Ile Leu Ala Pro Pro Ser Pro Ser Glu Ile Leu Pro Gly Asp Pro Pro
 385 390 395 400

Arg Pro Pro Thr Cys Gly Phe Leu Thr Arg
 405 410

<210> 14

<211> 819

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 14

Met Gln Ser Gly His Tyr Asn Arg Arg Gln Ser Arg Arg Gln Arg Ile
 1 5 10 15

Ser Ser Asn Thr Thr Asp Ser Pro Arg His Thr His Gly Thr Arg Tyr
20 25 30

Arg Ser Thr Asn Trp Tyr Thr His Pro Pro Gln Ile Leu Ser Asn Ser
35 40 45

Glu Thr Leu Val Ala Val Gln Glu Leu Leu Asn Ser Glu Met Asp Gln
50 55 60

Asp Ser Ser Ser Asp Ala Ser Asp Asp Phe Pro Gly Tyr Ala Leu His
65 70 75 80

His Ser Thr Tyr Asn Gly Ser Glu Gln Asn Thr Ser Thr Ser Arg His
85 90 95

Glu Asn Arg Ile Phe Lys Leu Thr Glu Arg Glu Ala Asn Glu Glu Ile
100 105 110

Asn Ile Asn Thr Asp Ala Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu Glu Gly
115 120 125

Glu Ala Glu Glu Asp Ala Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu Glu Gly
130 135 140

Glu Ala Glu Glu Asp Ala Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu Glu Gly
145 150 155 160

Glu Ala Glu Glu Asp Ala Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu Glu Gly
165 170 175

Glu Ala Glu Glu Gly Glu Ala Glu Glu Gly Glu Ala Glu Glu Asp Ala
180 185 190

Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu Glu Asp Ala Ala Glu Glu Asp Ala
195 200 205

Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu Glu Asp Tyr Phe Ser Val Ser Gln
210 215 220

Val Cys Ser Arg Asp Ala Asp Glu Val Tyr Phe Thr Leu Asp Pro Glu
225 230 235 240

Ile Ser Tyr Ser Thr Asp Leu Arg Ile Ala Lys Val Met Glu Pro Ala
245 250 255

Val Ser Lys Glu Leu Asn Val Ser Lys Arg Cys Val Glu Pro Val Thr
260 265 270

Leu Thr Gly Ser Met Leu Ala His Asn Gly Phe Asp Glu Ser Trp Phe
275 280 285

Ala Met Arg Glu Cys Thr Arg Arg Glu Tyr Ile Thr Val Gln Gly Leu
290 295 300

Tyr Asp Pro Ile His Leu Arg Tyr Gln Phe Asp Thr Ser Arg Met Thr
305 310 315 320

Pro Pro Gln Ile Leu Arg Thr Ile Pro Ala Leu Pro Asn Met Thr Leu
325 330 335

Gly Glu Leu Leu Leu Ile Phe Pro Ile Glu Phe Met Ala Gln Pro Ile
340 345 350

Ser Ile Glu Arg Ile Leu Val Glu Asp Val Phe Leu Asp Arg Arg Ala
355 360 365

Ser Ser Lys Thr His Lys Tyr Gly Pro Arg Trp Asn Ser Val Tyr Ala
370 375 380

Leu Pro Tyr Asn Ala Gly Lys Met Tyr Val Gln His Ile Pro Gly Phe
385 390 395 400

Tyr Asp Val Ser Leu Arg Ala Val Gly Gln Gly Thr Ala Ile Trp His
405 410 415

His Met Ile Leu Ser Thr Ala Ala Cys Ala Ile Ser Asn Arg Ile Ser
420 425 430

His Gly Asp Gly Leu Gly Phe Leu Leu Asp Ala Ala Ile Arg Ile Ser
435 440 445

Ala Asn Cys Ile Phe Leu Gly Arg Asn Asp Asn Phe Gly Val Gly Asp
450 455 460

Pro Cys Trp Leu Glu Asp His Leu Ala Gly Leu Pro Arg Glu Ala Val
465 470 475 480

Pro Asp Val Leu Gln Val Thr Gln Leu Val Leu Pro Asn Arg Gly Pro
485 490 495

Thr Val Ala Ile Met Arg Gly Phe Phe Gly Ala Leu Ala Tyr Trp Pro
500 505 510

Glu Leu Arg Ile Ala Ile Ser Glu Pro Ser Thr Ser Leu Val Arg Tyr
515 520 525

Ala Thr Gly His Met Glu Leu Ala Glu Trp Phe Leu Phe Ser Arg Thr
530 535 540

His Ser Leu Lys Pro Gln Phe Thr Pro Thr Glu Arg Glu Met Leu Ala
545 550 555 560

Ser Phe Phe Thr Leu Tyr Val Thr Leu Gly Gly Gly Met Leu Asn Trp
565 570 575

Ile Cys Arg Ala Thr Ala Met Tyr Leu Ala Ala Pro Tyr His Ser Arg
580 585 590

Ser Ala Tyr Ile Ala Val Cys Glu Ser Leu Pro Tyr Tyr Tyr Ile Pro
595 600 605

Val Asn Ser Asp Leu Leu Cys Asp Leu Glu Val Leu Leu Leu Gly Glu
610 615 620

Val Asp Leu Pro Thr Val Cys Glu Ser Tyr Ala Thr Ile Ala His Glu
625 630 635 640

Leu Thr Gly Tyr Glu Ala Val Arg Thr Ala Ala Thr Asn Phe Met Ile
645 650 655

Glu Phe Ala Asp Cys Tyr Lys Glu Ser Glu Thr Asp Leu Met Val Ser
660 665 670

Ala Tyr Leu Gly Ala Val Leu Leu Leu Gln Arg Val Leu Gly His Ala
675 680 685

Asn Leu Leu Leu Leu Leu Leu Ser Gly Ala Ala Leu Tyr Gly Gly Cys
690 695 700

Ser Ile Tyr Ile Pro Arg Gly Ile Leu Asp Ala Tyr Asn Thr Leu Met
705 710 715 720

Leu Ala Ala Ser Pro Leu Tyr Ala His Gln Thr Leu Thr Ser Phe Trp
725 730 735

Lys Asp Arg Asp Asp Ala Met Gln Thr Leu Gly Ile Arg Pro Thr Thr
740 745 750

Asp Val Leu Pro Lys Glu Gln Asp Arg Ile Val Gln Ala Ser Pro Ile
755 760 765

Glu Met Asn Phe Arg Phe Val Gly Leu Glu Thr Ile Tyr Pro Arg Glu
770 775 780

Gln Pro Ile Pro Ser Val Asp Leu Ala Glu Asn Leu Met Gln Tyr Arg
785 790 795 800

Asn Glu Ile Leu Gly Leu Asp Trp Lys Ser Val Ala Met His Leu Leu
805 810 815

Arg Lys Tyr

<210> 15
<211> 661
<212> PRT
<213> Varicella zoster

<400> 15

Met Phe Ser Arg Phe Ala Arg Ser Phe Ser Ser Asp Asp Arg Thr Arg
1 5 10 15

Lys Ser Tyr Asp Gly Ser Tyr Gln Ser Phe Asn Ala Gly Glu Arg Asp
20 25 30

Leu Pro Thr Pro Thr Arg Asp Trp Cys Ser Ile Ser Gln Arg Ile Thr
35 40 45

Ser Glu Arg Val Arg Asp Gly Cys Leu Ile Pro Thr Pro Gly Glu Ala
50 55 60

Leu Glu Thr Ala Val Lys Ala Leu Ser Glu Lys Thr Asp Ser Leu Thr
65 70 75 80

Ser Pro Val Leu Gln Ser Thr Glu Arg His Ser Val Leu Leu Gly Leu
85 90 95

His His Asn Asn Val Pro Glu Ser Leu Val Val Ser Cys Met Ser Asn
100 105 110

Asp Val His Asp Gly Phe Met Gln Arg Tyr Met Glu Thr Ile Gln Arg
115 120 125

Cys Leu Asp Asp Leu Lys Leu Ser Gly Asp Gly Leu Trp Trp Val Tyr
130 135 140

Glu Asn Thr Tyr Trp Gln Tyr Leu Lys Tyr Thr Thr Gly Ala Glu Val
145 150 155 160

Pro Val Thr Ser Glu Lys Val Asn Lys Lys Ser Lys Ser Thr Val Leu
 165 170 175

Leu Phe Ser Ser Val Val Ala Asn Lys Pro Ile Ser Arg His Pro Phe
 180 185 190

Lys Ser Lys Val Ile Asn Ser Asp Tyr Arg Gly Ile Cys Gln Glu Leu
 195 200 205

Arg Glu Ala Leu Gly Ala Val Gln Lys Tyr Met Tyr Phe Met Arg Pro
 210 215 220

Asp Asp Pro Thr Asn Pro Ser Pro Asp Thr Arg Ile Arg Val Gln Glu
 225 230 235 240

Ile Ala Ala Tyr Thr Ala Thr Gly Tyr Gly Trp Met Leu Trp Phe Leu
 245 250 255

Asp Val Val Asp Ala Arg Val Cys Arg His Leu Lys Leu Gln Phe Arg
 260 265 270

Arg Ile Arg Gly Pro Arg Ala Ser Val Ile Pro Asp Asp Leu Leu Arg
 275 280 285

Arg His Leu Lys Thr Gly Pro Ala Val Ser Ala Gly Thr Gly Val Ala
 290 295 300

Phe Ile Leu Ala Ala Thr Thr Ala Ser Ala Leu Thr Ala Leu Leu Arg
 305 310 315 320

Ile Ser Val Leu Trp Arg Lys Glu Glu Trp Arg Asp Gly Leu Asn Gly
 325 330 335

Thr Ala Ala Ala Ile Val Ala Ala Val Glu Leu Ile Thr Leu Leu His
 340 345 350

His His Phe Gln Tyr Leu Ile Asn Met Met Leu Ile Gly Tyr Ala Cys

355

360

365

Trp Gly Asp Gly Gly Leu Asn Asp Pro Tyr Ile Leu Lys Ala Leu Arg
370 375 380

Ala Gln Gly Arg Phe Leu Tyr Phe Ala Gly Gln Leu Val Arg Thr Met
385 390 395 400

Ser Thr His Ser Trp Val Val Leu Glu Thr Ser Thr His Met Trp Phe
405 410 415

Ser Arg Ala Val Ala Gln Ser Ile Leu Ala His Gly Gly Lys Pro Thr
420 425 430

Lys Tyr Tyr Ala Gln Val Leu Ala Ala Ser Lys Arg Tyr Thr Pro Leu
435 440 445

His Leu Arg Arg Ile Ser Glu Pro Ser Ser Val Ser Asp Gln Pro Tyr
450 455 460

Ile Arg Phe Asn Arg Leu Gly Ser Pro Ile Gly Thr Gly Ile Gly Asn
465 470 475 480

Leu Glu Cys Val Cys Leu Thr Gly Asn Tyr Leu Ser Asp Asp Val Asn
485 490 495

Ala Ser Ser His Val Ile Asn Thr Glu Ala Pro Leu Asn Ser Ile Ala
500 505 510

Pro Asp Thr Asn Arg Gln Arg Thr Ser Arg Val Leu Val Arg Pro Asp
515 520 525

Thr Gly Leu Asp Val Thr Val Arg Lys Asn His Cys Leu Asp Ile Gly
530 535 540

His Thr Asp Gly Ser Pro Val Asp Pro Thr Tyr Pro Asp His Tyr Thr
545 550 555 560

Arg Ile Lys Ala Glu Tyr Glu Gly Pro Val Arg Asp Glu Ser Asn Thr
 565 570 575

Met Phe Asp Gln Arg Ser Asp Leu Arg His Ile Glu Thr Gln Ala Ser
 580 585 590

Leu Asn Asp His Val Tyr Glu Asn Ile Pro Pro Lys Glu Val Gly Phe
 595 600 605

Asn Ser Ser Ser Asp Leu Asp Val Asp Ser Leu Asn Gly Tyr Thr Ser
 610 615 620

Gly Asp Met His Thr Asp Asp Asp Leu Ser Pro Asp Phe Ile Pro Asn
 625 630 635 640

Asp Val Pro Val Arg Cys Lys Thr Thr Val Thr Phe Arg Lys Asn Thr
 645 650 655

Pro Lys Ser His His
 660

<210> 16

<211> 301

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 16

Met Gly Asp Leu Ser Cys Trp Thr Lys Val Pro Gly Phe Thr Leu Thr
 1 5 10 15

Gly Glu Leu Gln Tyr Leu Lys Gln Val Asp Asp Ile Leu Arg Tyr Gly
 20 25 30

Val Arg Lys Arg Asp Arg Thr Gly Ile Gly Thr Leu Ser Leu Phe Gly
 35 40 45

Met Gln Ala Arg Tyr Asn Leu Arg Asn Glu Phe Pro Leu Leu Thr Thr
 50 55 60

Lys Arg Val Phe Trp Arg Ala Val Val Glu Glu Leu Leu Trp Phe Ile
65 70 75 80

Arg Gly Ser Thr Asp Ser Lys Glu Leu Ala Ala Lys Asp Ile His Ile
85 90 95

Trp Asp Ile Tyr Gly Ser Ser Lys Phe Leu Asn Arg Asn Gly Phe His
100 105 110

Lys Arg His Thr Gly Asp Leu Gly Pro Ile Tyr Gly Phe Gln Trp Arg
115 120 125

His Phe Gly Ala Glu Tyr Lys Asp Cys Gln Ser Asn Tyr Leu Gln Gln
130 135 140

Gly Ile Asp Gln Leu Gln Thr Val Ile Asp Thr Ile Lys Thr Asn Pro
145 150 155 160

Glu Ser Arg Arg Met Ile Ile Ser Ser Trp Asn Pro Lys Asp Ile Pro
165 170 175

Leu Met Val Leu Pro Pro Cys His Thr Leu Cys Gln Phe Tyr Val Ala
180 185 190

Asn Gly Glu Leu Ser Cys Gln Val Tyr Gln Arg Ser Gly Asp Met Gly
195 200 205

Leu Gly Val Pro Phe Asn Ile Ala Gly Tyr Ala Leu Leu Thr Tyr Ile
210 215 220

Val Ala His Val Thr Gly Leu Lys Thr Gly Asp Leu Ile His Thr Met
225 230 235 240

Gly Asp Ala His Ile Tyr Leu Asn His Ile Asp Ala Leu Lys Val Gln
245 250 255

Leu Ala Arg Ser Pro Lys Pro Phe Pro Cys Leu Lys Ile Ile Arg Asn
260 265 270

Val Thr Asp Ile Asn Asp Phe Lys Trp Asp Asp Phe Gln Leu Asp Gly
275 280 285

Tyr Asn Pro His Pro Pro Leu Lys Met Glu Met Ala Leu
290 295 300

<210> 17

<211> 455

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 17

Met Gly Leu Phe Gly Leu Thr Arg Phe Ile His Glu His Lys Leu Val
1 5 10 15

Lys Pro Ser Ile Ile Ser Thr Pro Pro Gly Val Leu Thr Pro Val Ala
20 25 30

Val Asp Val Trp Asn Val Met Tyr Thr Leu Leu Glu Arg Leu Tyr Pro
35 40 45

Val Gly Lys Arg Glu Asn Leu His Gly Pro Ser Val Thr Ile His Cys
50 55 60

Leu Gly Val Leu Leu Arg Leu Leu Thr Gln Arg Ser Tyr Tyr Pro Ile
65 70 75 80

Phe Val Leu Glu Arg Cys Thr Asp Gly Pro Leu Ser Arg Gly Ala Lys
85 90 95

Ala Ile Met Ser Arg Ala Met Asn His Asp Glu Arg Gly Thr Ser Asp
100 105 110

Leu Thr Arg Val Leu Leu Ser Ser Asn Thr Ser Cys Ser Ile Lys Tyr
115 120 125

Asn Lys Thr Ser Glu Thr Tyr Asp Ser Val Phe Arg Asn Ser Ser Thr
130 135 140

Ser Cys Ile Pro Ser Glu Glu Asn Lys Ser Gln Asp Met Phe Leu Asp
145 150 155 160

Gly Cys Pro Arg Gln Thr Asp Lys Thr Ile Cys Leu Arg Asp Gln Asn
165 170 175

Val Cys Ser Leu Thr Ser Thr Met Pro Ser Arg Gly His Pro Asn His
180 185 190

Arg Leu Tyr His Lys Leu Cys Ala Ser Leu Ile Arg Trp Met Gly Tyr
195 200 205

Ala Tyr Val Glu Ala Val Asp Ile Glu Ala Asp Glu Ala Cys Ala Asn
210 215 220

Leu Phe His Thr Arg Thr Val Ala Leu Val Tyr Thr Thr Asp Thr Asp
225 230 235 240

Leu Leu Phe Met Gly Cys Asp Ile Leu Leu Asp Ala Ile Pro Met Phe
245 250 255

Ala Pro Val Val Arg Cys Arg Asp Leu Leu Gln Tyr Leu Gly Ile Thr
260 265 270

Tyr Pro Glu Phe Leu Val Ala Phe Val Arg Cys Gln Thr Asp Leu His
275 280 285

Thr Ser Asp Asn Leu Lys Ser Val Gln Gln Val Ile Gln Asp Thr Gly
290 295 300

Leu Lys Val Pro His Gln Met Asp Thr Ser Thr Arg Ser Pro Thr Tyr
305 310 315 320

Asp Ser Trp Arg His Gly Glu Val Phe Lys Ser Leu Thr Val Ala Thr

325

330

335

Ser Gly Lys Thr Glu Asn Gly Val Ser Val Ser Lys Tyr Ala Ser Asn
 340 345 350

Arg Ser Glu Val Thr Val Asp Ala Ser Trp Ala Leu Asn Leu Leu Pro
 355 360 365

Pro Ser Ser Ser Pro Leu Asp Asn Leu Glu Arg Ala Phe Val Glu His
 370 375 380

Ile Ile Ala Val Val Thr Pro Leu Thr Arg Gly Arg Leu Lys Leu Met
 385 390 395 400

Lys Arg Val Asn Ile Met Gln Asn Thr Ala Asp Pro Tyr Met Val Ile
 405 410 415

Asn Thr Leu Tyr His Asn Leu Lys Gly Glu Lys Met Ala Arg Gln Tyr
 420 425 430

Ala Arg Ile Phe Lys Gln Phe Ile Pro Thr Pro Leu Pro Leu Asn Thr
 435 440 445

Val Leu Thr Lys Tyr Trp Asn
 450 455

<210> 18

<211> 1038

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 18

Met Glu Glu Pro Ile Cys Tyr Asp Thr Gln Lys Leu Leu Asp Asp Leu
 1 5 10 15

Ser Asn Leu Lys Val Gln Glu Ala Asp Asn Glu Arg Pro Trp Ser Pro
 20 25 30

Glu Lys Thr Glu Ile Ala Arg Val Lys Val Val Lys Phe Leu Arg Ser
35 40 45

Thr Gln Lys Ile Pro Ala Lys His Phe Ile Gln Ile Trp Glu Pro Leu
50 55 60

His Ser Asn Ile Cys Phe Val Tyr Ser Asn Thr Phe Leu Ala Glu Ala
65 70 75 80

Ala Phe Thr Ala Glu Asn Leu Pro Gly Leu Leu Phe Trp Arg Leu Asp
85 90 95

Leu Asp Trp Thr Ile Glu Glu Pro Gly Asn Ser Leu Lys Ile Leu Thr
100 105 110

Gln Leu Ser Ser Val Val Gln Asp Ser Glu Thr Leu His Arg Leu Ser
115 120 125

Ala Asn Lys Leu Arg Thr Ser Ser Lys Phe Gly Pro Val Ser Ile His
130 135 140

Phe Ile Ile Thr Asp Trp Ile Asn Met Tyr Glu Val Ala Leu Lys Asp
145 150 155 160

Ala Thr Thr Ala Ile Glu Ser Pro Phe Thr His Ala Arg Ile Gly Met
165 170 175

Leu Glu Ser Ala Ile Ala Ala Leu Thr Gln His Lys Phe Ala Ile Ile
180 185 190

Tyr Asp Met Pro Phe Val Gln Glu Gly Ile Arg Val Leu Thr Gln Tyr
195 200 205

Ala Gly Trp Leu Leu Pro Phe Asn Val Met Trp Asn Gln Ile Gln Asn
210 215 220

Ser Ser Leu Thr Pro Leu Thr Arg Ala Leu Phe Ile Ile Cys Met Ile
225 230 235 240

Asp Glu Tyr Leu Thr Glu Thr Pro Val His Ser Ile Ser Glu Leu Phe
245 250 255

Ala Asp Thr Val Asn Leu Ile Lys Asp Glu Ala Phe Val Ser Ile Glu
260 265 270

Glu Ala Val Thr Asn Pro Arg Thr Val His Glu Ser Arg Ile Ser Ser
275 280 285

Ala Leu Ala Tyr Arg Asp Pro Tyr Val Phe Glu Thr Ser Pro Gly Met
290 295 300

Leu Ala Arg Arg Leu Arg Leu Asp Asn Gly Ile Trp Glu Ser Asn Leu
305 310 315 320

Leu Ser Leu Ser Thr Pro Gly Ile His Ile Glu Ala Leu Leu His Leu
325 330 335

Leu Asn Ser Asp Pro Glu Ala Glu Thr Thr Ser Gly Ser Asn Val Ala
340 345 350

Glu His Thr Arg Gly Ile Trp Glu Lys Val Gln Ala Ser Thr Ser Pro
355 360 365

Ser Met Leu Ile Ser Thr Leu Ala Glu Ser Gly Phe Thr Arg Phe Ser
370 375 380

Cys Lys Leu Leu Arg Arg Phe Ile Ala His His Thr Leu Ala Gly Phe
385 390 395 400

Ile His Gly Ser Val Val Ala Asp Glu His Ile Thr Asp Phe Gln Gln
405 410 415

Thr Leu Gly Cys Leu Ala Leu Val Gly Gly Leu Ala Tyr Gln Leu Val
420 425 430

Glu Thr Tyr Ala Pro Thr Thr Glu Tyr Val Leu Thr Tyr Thr Arg Thr
435 440 445

Val Asn Glu Thr Glu Lys Arg Tyr Glu Thr Leu Leu Pro Ala Leu Gly
450 455 460

Leu Pro Pro Gly Gly Leu Gly Gln Ile Met Arg Arg Cys Phe Ala Pro
465 470 475 480

Arg Pro Leu Ile Glu Ser Ile Gln Ala Thr Arg Val Ile Leu Leu Asn
485 490 495

Glu Ile Ser His Ala Glu Ala Arg Glu Thr Thr Tyr Phe Lys Gln Thr
500 505 510

His Asn Gln Ser Ser Gly Ala Leu Leu Pro Gln Ala Gly Gln Ser Ala
515 520 525

Val Arg Glu Ala Val Leu Thr Trp Phe Asp Leu Arg Met Asp Ser Arg
530 535 540

Trp Gly Ile Thr Pro Pro Val Asp Val Gly Met Thr Pro Pro Ile Cys
545 550 555 560

Val Asp Pro Pro Ala Thr Gly Leu Glu Ala Val Met Ile Thr Glu Ala
565 570 575

Leu Lys Ile Ala Tyr Pro Thr Glu Tyr Asn Arg Ser Ser Val Phe Val
580 585 590

Glu Pro Ser Phe Val Pro Tyr Ile Ile Ala Thr Ser Thr Leu Asp Ala
595 600 605

Leu Ser Ala Thr Ile Ala Leu Ser Phe Asp Thr Arg Gly Ile Gln Gln
610 615 620

Ala Leu Ser Ile Leu Gln Trp Ala Arg Asp Tyr Gly Ser Gly Thr Val
625 630 635 640

Pro Asn Ala Asp Gly Tyr Arg Thr Lys Leu Ser Ala Leu Ile Thr Ile
645 650 655

Leu Glu Pro Phe Thr Arg Thr His Pro Pro Val Leu Leu Pro Ser His
660 665 670

Val Ser Thr Ile Asp Ser Leu Ile Cys Glu Leu His Arg Thr Val Gly
675 680 685

Ile Ala Val Asp Leu Leu Pro Gln His Val Arg Pro Leu Val Pro Asp
690 695 700

Arg Pro Ser Ile Thr Asn Ser Val Phe Leu Ala Thr Leu Tyr Tyr Asp
705 710 715 720

Glu Leu Tyr Gly Arg Trp Thr Arg Leu Asp Lys Thr Ser Gln Ala Leu
725 730 735

Val Glu Asn Phe Thr Ser Asn Ala Leu Val Val Ser Arg Tyr Met Leu
740 745 750

Met Leu Gln Lys Phe Phe Ala Cys Arg Phe Tyr Pro Thr Pro Asp Leu
755 760 765

Gln Ala Val Gly Ile Cys Asn Pro Lys Val Glu Arg Asp Glu Gln Phe
770 775 780

Gly Val Trp Arg Leu Asn Asp Leu Ala Asp Ala Val Gly His Ile Val
785 790 795 800

Gly Thr Ile Gln Gly Ile Arg Thr Gln Met Arg Val Gly Ile Ser Ser
805 810 815

Leu Arg Thr Ile Met Ala Asp Ala Ser Ser Ala Leu Arg Glu Cys Glu
820 825 830

Asn Leu Met Thr Lys Thr Ser Thr Ser Ala Ile Gly Pro Leu Phe Ser
835 840 845

Thr Met Ala Ser Arg Tyr Ala Arg Phe Thr Gln Asp Gln Met Asp Ile
850 855 860

Leu Met Arg Val Asp Lys Leu Thr Thr Gly Glu Asn Ile Pro Gly Leu
865 870 875 880

Ala Asn Val Glu Ile Phe Leu Asn Arg Trp Glu Arg Ile Ala Thr Ala
885 890 895

Cys Arg His Ala Thr Ala Val Pro Ser Ala Glu Ser Ile Ala Thr Val
900 905 910

Cys Asn Glu Leu Arg Arg Gly Leu Lys Asn Ile Gln Glu Asp Arg Val
915 920 925

Asn Ala Pro Thr Ser Tyr Met Ser His Ala Arg Asn Leu Glu Asp His
930 935 940

Lys Ala Ala Val Ser Phe Val Met Asp Ser Arg Gln Gln Phe Ile Val
945 950 955 960

Asp Ser Gly Pro Gln Met Gly Ala Val Leu Thr Ser Gln Cys Asn Ile
965 970 975

Gly Thr Trp Glu Asn Val Asn Ala Thr Phe Leu His Asp Asn Val Lys
980 985 990

Ile Thr Thr Thr Val Arg Asp Val Ile Ser Glu Ala Pro Thr Leu Ile
995 1000 1005

Ile Gly Gln Arg Trp Leu Arg Pro Asp Glu Ile Leu Ser Asn Val
1010 1015 1020

Asp Leu Arg Leu Gly Val Pro Gly Asn Thr Ser Gly Ser Asp Pro
1025 1030 1035

<210> 19
 <211> 2763
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 19

Met Asp Ile Ile Pro Pro Ile Ala Val Thr Val Ala Gly Val Gly Ser
 1 5 10 15

Arg Asn Gln Phe Asp Gly Ala Leu Gly Pro Ala Ser Gly Leu Ser Cys
 20 25 30

Leu Arg Thr Ser Leu Ser Phe Leu His Met Thr Tyr Ala His Gly Ile
 35 40 45

Asn Ala Thr Leu Ser Ser Asp Met Ile Asp Gly Cys Leu Gln Glu Gly
 50 55 60

Ala Ala Trp Thr Thr Asp Leu Ser Asn Met Gly Arg Gly Val Pro Asp
 65 70 75 80

Met Cys Ala Leu Val Asp Leu Pro Asn Arg Ile Ser Tyr Ile Lys Leu
 85 90 95

Gly Asp Thr Thr Ser Thr Cys Cys Val Leu Ser Arg Ile Tyr Gly Asp
 100 105 110

Ser His Phe Phe Thr Val Pro Asp Glu Gly Phe Met Cys Thr Gln Ile
 115 120 125

Pro Ala Arg Ala Phe Phe Asp Asp Val Trp Met Gly Arg Glu Glu Ser
 130 135 140

Tyr Thr Ile Ile Thr Val Asp Ser Thr Gly Met Ala Ile Tyr Arg Gln
 145 150 155 160

Gly Asn Ile Ser Phe Ile Phe Asp Pro His Gly His Gly Thr Ile Gly

165

170

175

Gln Ala Val Val Val Arg Val Asn Thr Thr Asp Val Tyr Ser Tyr Ile
180 185 190

Ala Ser Glu Tyr Thr His Arg Pro Asp Asn Val Glu Ser Gln Trp Ala
195 200 205

Ala Ala Leu Val Phe Phe Val Thr Ala Asn Asp Gly Pro Val Ser Glu
210 215 220

Glu Ala Leu Ser Ser Ala Val Thr Leu Ile Tyr Gly Ser Cys Asp Thr
225 230 235 240

Tyr Phe Thr Asp Glu Gln Tyr Cys Glu Lys Leu Val Thr Ala Gln His
245 250 255

Pro Leu Leu Leu Ser Pro Pro Asn Ser Thr Thr Ile Val Leu Asn Lys
260 265 270

Ser Ser Ile Val Pro Leu His Gln Asn Val Gly Glu Ser Val Ser Leu
275 280 285

Glu Ala Thr Leu His Ser Thr Leu Thr Asn Thr Val Ala Leu Asp Pro
290 295 300

Arg Cys Ser Tyr Ser Glu Val Asp Pro Trp His Ala Val Leu Glu Thr
305 310 315 320

Thr Ser Thr Gly Ser Gly Val Leu Asp Cys Arg Arg Arg Arg Arg Pro
325 330 335

Ser Trp Thr Pro Pro Ser Ser Glu Glu Asn Leu Ala Cys Ile Asp Asp
340 345 350

Gly Leu Val Asn Asn Thr His Ser Thr Asp Asn Leu His Lys Pro Ala
355 360 365

Lys Lys Val Leu Lys Phe Lys Pro Thr Val Asp Val Pro Asp Lys Thr
370 375 380

Gln Val Ala His Val Leu Pro Arg Leu Arg Glu Val Ala Asn Thr Pro
385 390 395 400

Asp Val Val Leu Asn Val Ser Asn Val Asp Thr Pro Glu Ser Ser Pro
405 410 415

Thr Phe Ser Arg Asn Met Asn Val Gly Ser Ser Leu Lys Asp Arg Lys
420 425 430

Pro Phe Leu Phe Glu Gln Ser Gly Asp Val Asn Met Val Val Glu Lys
435 440 445

Leu Leu Gln His Gly His Glu Ile Ser Asn Gly Tyr Val Gln Asn Ala
450 455 460

Val Gly Thr Leu Asp Thr Val Ile Thr Gly His Thr Asn Val Pro Ile
465 470 475 480

Trp Val Thr Arg Pro Leu Val Met Pro Asp Glu Lys Asp Pro Leu Glu
485 490 495

Leu Phe Ile Asn Leu Thr Ile Leu Arg Leu Thr Gly Phe Val Val Glu
500 505 510

Asn Gly Thr Arg Thr His His Gly Ala Thr Ser Val Val Ser Asp Phe
515 520 525

Ile Gly Pro Leu Gly Glu Ile Leu Thr Gly Phe Pro Ser Ala Ala Glu
530 535 540

Leu Ile Arg Val Thr Ser Leu Ile Leu Thr Asn Met Pro Gly Ala Glu
545 550 555 560

Tyr Ala Ile Lys Thr Val Leu Arg Lys Lys Cys Thr Ile Gly Met Leu

565

570

575

Ile Ile Ala Lys Phe Gly Leu Val Ala Met Arg Val Gln Asp Thr Thr
580 585 590

Gly Ala Leu His Ala Glu Leu Asp Val Leu Glu Ala Asp Leu Gly Gly
595 600 605

Ser Ser Pro Ile Asp Leu Tyr Ser Arg Leu Ser Thr Gly Leu Ile Ser
610 615 620

Ile Leu Asn Ser Pro Ile Ile Ser His Pro Gly Leu Phe Ala Glu Leu
625 630 635 640

Ile Pro Thr Arg Thr Gly Ser Leu Ser Glu Arg Ile Arg Leu Leu Cys
645 650 655

Glu Leu Val Ser Ala Arg Glu Thr Arg Tyr Met Arg Glu His Thr Ala
660 665 670

Leu Val Ser Ser Val Lys Ala Leu Glu Asn Ala Leu Arg Ser Thr Arg
675 680 685

Asn Lys Ile Asp Ala Ile Gln Ile Pro Glu Val Pro Gln Glu Pro Pro
690 695 700

Glu Glu Thr Asp Ile Pro Pro Glu Glu Leu Ile Arg Arg Val Tyr Glu
705 710 715 720

Ile Arg Ser Glu Val Thr Met Leu Leu Thr Ser Ala Val Thr Glu Tyr
725 730 735

Phe Thr Arg Gly Val Leu Tyr Ser Thr Arg Ala Leu Ile Ala Glu Gln
740 745 750

Ser Pro Arg Arg Phe Arg Val Ala Thr Ala Ser Thr Ala Pro Ile Gln
755 760 765

Arg Leu Leu Asp Ser Leu Pro Glu Phe Asp Ala Lys Leu Thr Ala Ile
 770 775 780

Ile Ser Ser Leu Ser Ile His Pro Pro Pro Glu Thr Ile Gln Asn Leu
 785 790 795 800

Pro Val Val Ser Leu Leu Lys Glu Leu Ile Lys Glu Gly Glu Asp Leu
 805 810 815

Asn Thr Asp Thr Ala Leu Val Ser Trp Leu Ser Val Val Gly Glu Ala
 820 825 830

Gln Thr Ala Gly Tyr Leu Ser Arg Arg Glu Phe Asp Glu Leu Ser Arg
 835 840 845

Thr Ile Lys Thr Ile Asn Thr Arg Ala Thr Gln Arg Ala Ser Ala Glu
 850 855 860

Ala Glu Leu Ser Cys Phe Asn Thr Leu Ser Ala Ala Val Asp Gln Ala
 865 870 875 880

Val Lys Asp Tyr Glu Thr Tyr Asn Asn Gly Glu Val Lys Tyr Pro Glu
 885 890 895

Ile Thr Arg Asp Asp Leu Leu Ala Thr Ile Val Arg Ala Thr Asp Asp
 900 905 910

Leu Val Arg Gln Ile Lys Ile Leu Ser Asp Pro Met Ile Gln Ser Gly
 915 920 925

Leu Gln Pro Ser Ile Lys Arg Arg Leu Glu Thr Arg Leu Lys Glu Val
 930 935 940

Gln Thr Tyr Ala Asn Glu Ala Arg Thr Thr Gln Asp Thr Ile Lys Ser
 945 950 955 960

Arg Lys Gln Ala Ala Tyr Asn Lys Leu Gly Gly Leu Leu Arg Pro Val

965

970

975

Thr Gly Phe Val Gly Leu Arg Ala Ala Val Asp Leu Leu Pro Glu Leu
980 985 990

Ala Ser Glu Leu Asp Val Gln Gly Ala Leu Val Asn Leu Arg Thr Lys
995 1000 1005

Val Leu Glu Ala Pro Val Glu Ile Arg Ser Gln Leu Thr Gly Asp
1010 1015 1020

Phe Trp Ala Leu Phe Asn Gln Tyr Arg Asp Ile Leu Glu His Pro
1025 1030 1035

Gly Asn Ala Arg Thr Ser Val Leu Gly Gly Leu Gly Ala Cys Phe
1040 1045 1050

Thr Ala Ile Ile Glu Ile Val Pro Ile Pro Thr Glu Tyr Arg Pro
1055 1060 1065

Ser Leu Leu Ala Phe Phe Gly Asp Val Ala Asp Val Leu Ala Ser
1070 1075 1080

Asp Ile Ala Thr Val Ser Thr Asn Pro Glu Ser Glu Ser Ala Ile
1085 1090 1095

Asn Ala Val Val Ala Thr Leu Ser Lys Ala Thr Leu Val Ser Ser
1100 1105 1110

Thr Val Pro Ala Leu Ser Phe Val Leu Ser Leu Tyr Lys Lys Tyr
1115 1120 1125

Gln Ala Leu Gln Gln Glu Ile Thr Asn Thr His Lys Leu Thr Glu
1130 1135 1140

Leu Gln Lys Gln Leu Gly Asp Asp Phe Ser Thr Leu Ala Val Ser
1145 1150 1155

Ser Gly His Leu Lys Phe Ile Ser Ser Ser Asn Val Asp Asp Tyr
1160 1165 1170

Glu Ile Asn Asp Ala Ile Leu Ser Ile Gln Thr Asn Val His Ala
1175 1180 1185

Leu Met Asp Thr Val Lys Leu Val Glu Val Glu Leu Gln Lys Leu
1190 1195 1200

Pro Pro His Cys Ile Ala Gly Thr Ser Thr Leu Ser Arg Val Val
1205 1210 1215

Lys Asp Leu His Lys Leu Val Thr Met Ala His Glu Lys Lys Glu
1220 1225 1230

Gln Ala Lys Val Leu Ile Thr Asp Cys Glu Arg Ala His Lys Gln
1235 1240 1245

Gln Thr Thr Arg Val Leu Tyr Glu Arg Trp Thr Arg Asp Ile Ile
1250 1255 1260

Ala Cys Leu Glu Ala Met Glu Thr Arg His Ile Phe Asn Gly Thr
1265 1270 1275

Glu Leu Ala Arg Leu Arg Asp Met Ala Ala Ala Gly Gly Phe Asp
1280 1285 1290

Ile His Ala Val Tyr Pro Gln Ala Arg Gln Val Val Ala Ala Cys
1295 1300 1305

Glu Thr Thr Ala Val Thr Ala Leu Asp Thr Val Phe Arg His Asn
1310 1315 1320

Pro Tyr Thr Pro Glu Asn Thr Asn Ile Pro Pro Pro Leu Ala Leu
1325 1330 1335

Leu Arg Gly Leu Thr Trp Phe Asp Asp Phe Ser Ile Thr Ala Pro

1340	1345	1350
Val Phe Thr Val Met Phe Pro Gly Val Ser Ile Glu Gly Leu Leu 1355 1360 1365		
Leu Leu Met Arg Ile Arg Ala Val Val Leu Leu Ser Ala Asp Thr 1370 1375 1380		
Ser Ile Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Arg Asp Met Ile Leu Arg Thr 1385 1390 1395		
Ser Gly Asp Leu Leu Gln Ile Pro Ala Leu Ala Gly Tyr Val Asp 1400 1405 1410		
Phe Tyr Thr Arg Ser Tyr Asp Gln Phe Ile Thr Glu Ser Val Thr 1415 1420 1425		
Leu Ser Glu Leu Arg Ala Asp Ile Arg Gln Ala Ala Gly Ala Lys 1430 1435 1440		
Leu Thr Glu Ala Asn Lys Ala Leu Glu Glu Val Thr His Val Arg 1445 1450 1455		
Ala His Glu Thr Ala Lys Leu Ala Leu Lys Glu Gly Val Phe Ile 1460 1465 1470		
Thr Leu Pro Ser Glu Gly Leu Leu Ile Arg Ala Ile Glu Tyr Phe 1475 1480 1485		
Thr Thr Phe Asp His Lys Arg Phe Ile Gly Thr Ala Tyr Glu Arg 1490 1495 1500		
Val Leu Gln Thr Met Val Asp Arg Asp Leu Lys Glu Ala Asn Ala 1505 1510 1515		
Glu Leu Ala Gln Phe Arg Met Val Cys Gln Ala Thr Lys Asn Arg 1520 1525 1530		

Ala Ile Gln Ile Leu Gln Asn Ile Val Asp Thr Ala Asn Ala Thr
1535 1540 1545

Glu Gln Gln Glu Asp Val Asp Phe Thr Asn Leu Lys Thr Leu Leu
1550 1555 1560

Lys Leu Thr Pro Pro Pro Lys Thr Ile Ala Leu Ala Ile Asp Arg
1565 1570 1575

Ser Thr Ser Val Gln Asp Ile Val Thr Gln Phe Ala Leu Leu Leu
1580 1585 1590

Gly Arg Leu Glu Glu Glu Thr Gly Thr Leu Asp Ile Gln Ala Val
1595 1600 1605

Asp Trp Met Tyr Gln Ala Arg Asn Ile Ile Asp Ser His Pro Leu
1610 1615 1620

Ser Val Arg Ile Asp Gly Thr Gly Pro Leu His Thr Tyr Lys Asp
1625 1630 1635

Arg Val Asp Lys Leu Tyr Ala Leu Arg Thr Lys Leu Asp Leu Leu
1640 1645 1650

Arg Arg Arg Ile Glu Thr Gly Glu Val Thr Trp Asp Asp Ala Trp
1655 1660 1665

Thr Thr Phe Lys Arg Glu Thr Gly Asp Met Leu Ala Ser Gly Asp
1670 1675 1680

Thr Tyr Ala Thr Ser Val Asp Ser Ile Lys Ala Leu Gln Ala Ser
1685 1690 1695

Ala Ser Val Val Asp Met Leu Cys Ser Glu Pro Glu Phe Phe Leu
1700 1705 1710

Leu Pro Val Glu Thr Lys Asn Arg Leu Gln Lys Lys Gln Gln Glu

1715	1720	1725
Arg Lys Thr Ala Leu Asp Val Val Leu Gln Lys Gln Arg Gln Phe 1730 1735 1740		
Glu Glu Thr Ala Ser Arg Leu Arg Ala Leu Ile Glu Arg Ile Pro 1745 1750 1755		
Thr Glu Ser Asp His Asp Val Leu Arg Met Leu Leu Arg Asp Phe 1760 1765 1770		
Asp Gln Phe Thr His Leu Pro Ile Trp Ile Lys Thr Gln Tyr Met 1775 1780 1785		
Thr Phe Arg Asn Leu Leu Met Val Arg Leu Gly Leu Tyr Ala Ser 1790 1795 1800		
Tyr Ala Glu Ile Phe Pro Pro Ala Ser Pro Asn Gly Val Phe Ala 1805 1810 1815		
Pro Ile Pro Ala Met Ser Gly Val Cys Leu Glu Asp Gln Ser Arg 1820 1825 1830		
Cys Ile Arg Ala Arg Val Ala Ala Phe Met Gly Glu Ala Ser Val 1835 1840 1845		
Val Gln Thr Phe Arg Glu Ala Arg Ser Ser Ile Asp Ala Leu Phe 1850 1855 1860		
Gly Lys Asn Leu Thr Phe Tyr Leu Asp Thr Asp Gly Val Pro Leu 1865 1870 1875		
Arg Tyr Arg Val Cys Tyr Lys Ser Val Gly Val Lys Leu Gly Thr 1880 1885 1890		
Met Leu Cys Ser Gln Gly Gly Leu Ser Leu Arg Pro Ala Leu Pro 1895 1900 1905		

Asp Glu Gly Ile Val Glu Glu Thr Thr Leu Ser Ala Leu Arg Val
1910 1915 1920

Ala Asn Glu Val Asn Glu Leu Arg Ile Glu Tyr Glu Ser Ala Ile
1925 1930 1935

Lys Ser Gly Phe Ser Ala Phe Ser Thr Phe Val Arg His Arg His
1940 1945 1950

Ala Glu Trp Gly Lys Thr Asn Ala Arg Arg Ala Ile Ala Glu Ile
1955 1960 1965

Tyr Ala Gly Leu Ile Thr Thr Thr Leu Thr Arg Gln Tyr Gly Val
1970 1975 1980

His Trp Asp Lys Leu Ile Tyr Ser Phe Glu Lys His His Leu Thr
1985 1990 1995

Ser Val Met Gly Asn Gly Leu Thr Lys Pro Ile Gln Arg Arg Gly
2000 2005 2010

Asp Val Arg Val Leu Glu Leu Thr Leu Ser Asp Ile Val Thr Ile
2015 2020 2025

Leu Val Ala Thr Thr Pro Val His Leu Leu Asn Phe Ala Arg Leu
2030 2035 2040

Asp Leu Ile Lys Gln His Glu Tyr Met Ala Arg Thr Leu Arg Pro
2045 2050 2055

Val Ile Glu Ala Ala Phe Arg Gly Arg Leu Leu Val Arg Ser Leu
2060 2065 2070

Asp Gly Asp Pro Lys Gly Asn Ala Arg Ala Phe Phe Asn Ala Ala
2075 2080 2085

Pro Ser Lys His Lys Leu Pro Leu Ala Leu Gly Ser Asn Gln Asp

2090	2095	2100
Pro Thr Gly Gly Arg Ile Phe Ala Phe Arg Met Ala Asp Trp Lys 2105 2110 2115		
Leu Val Lys Met Pro Gln Lys Ile Thr Asp Pro Phe Ala Pro Trp 2120 2125 2130		
Gln Leu Ser Pro Pro Pro Gly Val Lys Ala Asn Val Asp Ala Val 2135 2140 2145		
Thr Arg Ile Met Ala Thr Asp Arg Leu Ala Thr Ile Thr Val Leu 2150 2155 2160		
Gly Arg Met Cys Leu Pro Pro Ile Ser Leu Val Ser Met Trp Asn 2165 2170 2175		
Thr Leu Gln Pro Glu Glu Phe Ala Tyr Arg Thr Gln Asp Asp Val 2180 2185 2190		
Asp Ile Ile Val Asp Ala Arg Leu Asp Leu Ser Ser Thr Leu Asn 2195 2200 2205		
Ala Arg Phe Asp Thr Ala Pro Ser Asn Thr Thr Leu Glu Trp Asn 2210 2215 2220		
Thr Asp Arg Lys Val Ile Thr Asp Ala Tyr Ile Gln Thr Gly Ala 2225 2230 2235		
Thr Thr Val Phe Thr Val Thr Gly Ala Ala Pro Thr His Val Ser 2240 2245 2250		
Asn Val Thr Ala Phe Asp Ile Ala Thr Thr Ala Ile Leu Phe Gly 2255 2260 2265		
Ala Pro Leu Val Ile Ala Met Glu Leu Thr Ser Val Phe Ser Gln 2270 2275 2280		

Asn Ser Gly Leu Thr Leu Gly Leu Lys Leu Phe Asp Ser Arg His
2285 2290 2295

Met Ala Thr Asp Ser Gly Ile Ser Ser Ala Val Ser Pro Asp Ile
2300 2305 2310

Val Ser Trp Gly Leu Arg Leu Leu His Met Asp Pro His Pro Ile
2315 2320 2325

Glu Asn Ala Cys Leu Ile Val Gln Leu Glu Lys Leu Ser Ala Leu
2330 2335 2340

Ile Ala Asn Lys Pro Leu Thr Asn Asn Pro Pro Cys Leu Leu Leu
2345 2350 2355

Leu Asp Glu His Met Asn Pro Ser Tyr Val Leu Trp Glu Arg Lys
2360 2365 2370

Asp Ser Ile Pro Ala Pro Asp Tyr Val Val Phe Trp Gly Pro Glu
2375 2380 2385

Ser Leu Ile Asp Leu Pro Tyr Ile Asp Ser Asp Glu Asp Ser Phe
2390 2395 2400

Pro Ser Cys Pro Asp Asp Pro Phe Tyr Ser Gln Ile Ile Ala Gly
2405 2410 2415

Tyr Ala Pro Gln Gly Pro Pro Asn Leu Asp Thr Thr Asp Phe Tyr
2420 2425 2430

Pro Thr Glu Pro Leu Phe Lys Ser Pro Val Gln Val Val Arg Ser
2435 2440 2445

Ser Lys Cys Lys Lys Met Pro Val Arg Pro Ala Gln Pro Ala Gln
2450 2455 2460

Pro Ala Gln Pro Ala Gln Pro Ala Gln Thr Val Gln Pro Ala Gln

2465

2470

2475

Pro Ile Glu Pro Gly Thr Gln Ile Val Val Gln Asn Phe Lys Lys
 2480 2485 2490

Pro Gln Ser Val Lys Thr Thr Leu Ser Gln Lys Asp Ile Pro Leu
 2495 2500 2505

Tyr Val Glu Thr Glu Ser Glu Thr Ala Val Leu Ile Pro Lys Gln
 2510 2515 2520

Leu Thr Thr Ser Ile Lys Thr Thr Val Cys Lys Ser Ile Thr Pro
 2525 2530 2535

Pro Asn Asn Gln Leu Ser Asp Trp Lys Asn Asn Pro Gln Gln Asn
 2540 2545 2550

Gln Thr Leu Asn Gln Ala Phe Ser Lys Pro Ile Leu Glu Ile Thr
 2555 2560 2565

Ser Ile Pro Thr Asp Asp Ser Ile Ser Tyr Arg Thr Trp Ile Glu
 2570 2575 2580

Lys Ser Asn Gln Thr Gln Lys Arg His Gln Asn Asp Pro Arg Met
 2585 2590 2595

Tyr Asn Ser Lys Thr Val Phe His Pro Val Asn Asn Gln Leu Pro
 2600 2605 2610

Ser Trp Val Asp Thr Ala Ala Asp Ala Pro Gln Thr Asp Leu Leu
 2615 2620 2625

Thr Asn Tyr Lys Thr Arg Gln Pro Ser Pro Asn Phe Pro Arg Asp
 2630 2635 2640

Val His Thr Trp Gly Val Ser Ser Asn Pro Phe Asn Ser Pro Asn
 2645 2650 2655

Arg Asp Leu Tyr Gln Ser Asp Phe Ser Glu Pro Ser Asp Gly Tyr
2660 2665 2670

Ser Ser Glu Ser Glu Asn Ser Ile Val Leu Ser Leu Asp Glu His
2675 2680 2685

Arg Ser Cys Arg Val Pro Arg His Val Arg Val Val Asn Ala Asp
2690 2695 2700

Val Val Thr Gly Arg Arg Tyr Val Arg Gly Thr Ala Leu Gly Ala
2705 2710 2715

Leu Ala Leu Leu Ser Gln Ala Cys Arg Arg Met Ile Asp Asn Val
2720 2725 2730

Arg Tyr Thr Arg Lys Leu Leu Met Asp His Thr Glu Asp Ile Phe
2735 2740 2745

Gln Gly Leu Gly Tyr Val Lys Leu Leu Leu Asp Gly Thr Tyr Ile
2750 2755 2760

<210> 20
<211> 585
<212> PRT
<213> Varicella zoster

<400> 20

Met Asp Arg Val Glu Ser Glu Glu Pro Met Asp Gly Phe Glu Ser Pro
1 5 10 15

Val Phe Ser Glu Asn Thr Ser Ser Asn Ser Gly Trp Cys Ser Asp Ala
20 25 30

Phe Ser Asp Ser Tyr Ile Ala Tyr Asn Pro Ala Leu Leu Leu Lys Asn
35 40 45

Asp Leu Leu Phe Ser Glu Leu Leu Phe Ala Ser His Leu Ile Asn Val
50 55 60

Pro Arg Ala Ile Glu Asn Asn Val Thr Tyr Glu Ala Ser Ser Ala Val
65 70 75 80

Gly Val Asp Asn Glu Met Thr Ser Ser Thr Thr Glu Phe Ile Glu Glu
85 90 95

Ile Gly Asp Val Leu Ala Leu Asp Arg Ala Cys Leu Val Cys Arg Thr
100 105 110

Leu Asp Leu Tyr Lys Arg Lys Phe Gly Leu Thr Pro Glu Trp Val Ala
115 120 125

Asp Tyr Ala Met Leu Cys Met Lys Ser Leu Ala Ser Pro Pro Cys Ala
130 135 140

Val Val Thr Phe Ser Ala Ala Phe Glu Phe Val Tyr Leu Met Asp Arg
145 150 155 160

Tyr Tyr Leu Cys Arg Tyr Asn Val Thr Leu Val Gly Ser Phe Ala Arg
165 170 175

Arg Thr Leu Ser Leu Leu Asp Ile Gln Arg His Phe Phe Leu His Val
180 185 190

Cys Phe Arg Thr Asp Gly Gly Leu Pro Gly Ile Arg Pro Pro Pro Gly
195 200 205

Lys Glu Met Ala Asn Lys Val Arg Tyr Ser Asn Tyr Ser Phe Phe Val
210 215 220

Gln Ala Val Val Arg Ala Ala Leu Leu Ser Ile Ser Thr Ser Arg Leu
225 230 235 240

Asp Glu Thr Glu Thr Arg Lys Ser Phe Tyr Phe Asn Gln Asp Gly Leu
245 250 255

Thr Gly Gly Pro Gln Pro Leu Ala Ala Ala Leu Ala Asn Trp Lys Asp
260 265 270

Cys Ala Arg Met Val Asp Cys Ser Ser Ser Glu His Arg Thr Ser Gly
275 280 285

Met Ile Thr Cys Ala Glu Arg Ala Leu Lys Glu Asp Ile Glu Phe Glu
290 295 300

Asp Ile Leu Ile Asp Lys Leu Lys Lys Ser Ser Tyr Val Glu Ala Ala
305 310 315 320

Trp Gly Tyr Ala Asp Leu Ala Leu Leu Leu Leu Ser Gly Val Ala Thr
325 330 335

Trp Asn Val Asp Glu Arg Thr Asn Cys Ala Ile Glu Thr Arg Val Gly
340 345 350

Cys Val Lys Ser Tyr Trp Gln Ala Asn Arg Ile Glu Asn Ser Arg Asp
355 360 365

Val Pro Lys Gln Phe Ser Lys Phe Thr Ser Glu Asp Ala Cys Pro Glu
370 375 380

Val Ala Phe Gly Pro Ile Leu Leu Thr Thr Leu Lys Asn Ala Lys Cys
385 390 395 400

Arg Gly Arg Thr Asn Thr Glu Cys Met Leu Cys Cys Leu Leu Thr Ile
405 410 415

Gly His Tyr Trp Ile Ala Leu Arg Gln Phe Lys Arg Asp Ile Leu Ala
420 425 430

Tyr Ser Ala Asn Asn Thr Ser Leu Phe Asp Cys Ile Glu Pro Val Ile
435 440 445

Asn Ala Trp Ser Leu Asp Asn Pro Ile Lys Leu Lys Phe Pro Phe Asn
450 455 460

Asp Glu Gly Arg Phe Ile Thr Ile Val Lys Ala Ala Gly Ser Glu Ala
465 470 475 480

Val Tyr Lys His Leu Phe Cys Asp Leu Leu Cys Ala Leu Ser Glu Leu
485 490 495

Gln Thr Asn Pro Lys Ile Leu Phe Ala His Pro Thr Thr Ala Asp Lys
500 505 510

Glu Val Leu Glu Leu Tyr Lys Ala Gln Leu Ala Ala Gln Asn Arg Phe
515 520 525

Glu Gly Arg Val Cys Ala Gly Leu Trp Thr Leu Ala Tyr Ala Phe Lys
530 535 540

Ala Tyr Gln Ile Phe Pro Arg Lys Pro Thr Ala Asn Ala Ala Phe Ile
545 550 555 560

Arg Asp Gly Gly Leu Met Leu Arg Arg His Ala Ile Ser Leu Val Ser
565 570 575

Leu Glu His Thr Leu Ser Lys Tyr Val
580 585

<210> 21

<211> 1204

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 21

Met Glu Asn Thr Gln Lys Thr Val Thr Val Pro Thr Gly Pro Leu Gly
1 5 10 15

Tyr Val Tyr Ala Cys Arg Val Glu Asp Leu Asp Leu Glu Glu Ile Ser
20 25 30

Phe Leu Ala Ala Arg Ser Thr Asp Ser Asp Leu Ala Leu Leu Pro Leu

35

40

45

Met Arg Asn Leu Thr Val Glu Lys Thr Phe Thr Ser Ser Leu Ala Val
 50 55 60

Val Ser Gly Ala Arg Thr Thr Gly Leu Ala Gly Ala Gly Ile Thr Leu
 65 70 75 80

Lys Leu Thr Thr Ser His Phe Tyr Pro Ser Val Phe Val Phe His Gly
 85 90 95

Gly Lys His Val Leu Pro Ser Ser Ala Ala Pro Asn Leu Thr Arg Ala
 100 105 110

Cys Asn Ala Ala Arg Glu Arg Phe Gly Phe Ser Arg Cys Gln Gly Pro
 115 120 125

Pro Val Asp Gly Ala Val Glu Thr Thr Gly Ala Glu Ile Cys Thr Arg
 130 135 140

Leu Gly Leu Glu Pro Glu Asn Thr Ile Leu Tyr Leu Val Val Thr Ala
 145 150 155 160

Leu Phe Lys Glu Ala Val Phe Met Cys Asn Val Phe Leu His Tyr Gly
 165 170 175

Gly Leu Asp Ile Val His Ile Asn His Gly Asp Val Ile Arg Ile Pro
 180 185 190

Leu Phe Pro Val Gln Leu Phe Met Pro Asp Val Asn Arg Leu Val Pro
 195 200 205

Asp Pro Phe Asn Thr His His Arg Ser Ile Gly Glu Gly Phe Val Tyr
 210 215 220

Pro Thr Pro Phe Tyr Asn Thr Gly Leu Cys His Leu Ile His Asp Cys
 225 230 235 240

Val Ile Ala Pro Met Ala Val Ala Leu Arg Val Arg Asn Val Thr Ala
245 250 255

Val Ala Arg Gly Ala Ala His Leu Ala Phe Asp Glu Asn His Glu Gly
260 265 270

Ala Val Leu Pro Pro Asp Ile Thr Tyr Thr Tyr Phe Gln Ser Ser Ser
275 280 285

Ser Gly Thr Thr Thr Ala Arg Gly Ala Arg Arg Asn Asp Val Asn Ser
290 295 300

Thr Ser Lys Pro Ser Pro Ser Gly Gly Phe Glu Arg Arg Leu Ala Ser
305 310 315 320

Ile Met Ala Ala Asp Thr Ala Leu His Ala Glu Val Ile Phe Asn Thr
325 330 335

Gly Ile Tyr Glu Glu Thr Pro Thr Asp Ile Lys Glu Trp Pro Met Phe
340 345 350

Ile Gly Met Glu Gly Thr Leu Pro Arg Leu Asn Ala Leu Gly Ser Tyr
355 360 365

Thr Ala Arg Val Ala Gly Val Ile Gly Ala Met Val Phe Ser Pro Asn
370 375 380

Ser Ala Leu Tyr Leu Thr Glu Val Glu Asp Ser Gly Met Thr Glu Ala
385 390 395 400

Lys Asp Gly Gly Pro Gly Pro Ser Phe Asn Arg Phe Tyr Gln Phe Ala
405 410 415

Gly Pro His Leu Ala Ala Asn Pro Gln Thr Asp Arg Asp Gly His Val
420 425 430

Leu Ser Ser Gln Ser Thr Gly Ser Ser Asn Thr Glu Phe Ser Val Asp

435

440

445

Tyr Leu Ala Leu Ile Cys Gly Phe Gly Ala Pro Leu Leu Ala Arg Leu
450 455 460

Leu Phe Tyr Leu Glu Arg Cys Asp Ala Gly Ala Phe Thr Gly Gly His
465 470 475 480

Gly Asp Ala Leu Lys Tyr Val Thr Gly Thr Phe Asp Ser Glu Ile Pro
485 490 495

Cys Ser Leu Cys Glu Lys His Thr Arg Pro Val Cys Ala His Thr Thr
500 505 510

Val His Arg Leu Arg Gln Arg Met Pro Arg Phe Gly Gln Ala Thr Arg
515 520 525

Gln Pro Ile Gly Val Phe Gly Thr Met Asn Ser Gln Tyr Ser Asp Cys
530 535 540

Asp Pro Leu Gly Asn Tyr Ala Pro Tyr Leu Ile Leu Arg Lys Pro Gly
545 550 555 560

Asp Gln Thr Glu Ala Ala Lys Ala Thr Met Gln Asp Thr Tyr Arg Ala
565 570 575

Thr Leu Glu Arg Leu Phe Ile Asp Leu Glu Gln Glu Arg Leu Leu Asp
580 585 590

Arg Gly Ala Pro Cys Ser Ser Glu Gly Leu Ser Ser Val Ile Val Asp
595 600 605

His Pro Thr Phe Arg Arg Ile Leu Asp Thr Leu Arg Ala Arg Ile Glu
610 615 620

Gln Thr Thr Thr Gln Phe Met Lys Val Leu Val Glu Thr Arg Asp Tyr
625 630 635 640

Lys Ile Arg Glu Gly Leu Ser Glu Ala Thr His Ser Met Ala Leu Thr
 645 650 655

Phe Asp Pro Tyr Ser Gly Ala Phe Cys Pro Ile Thr Asn Phe Leu Val
 660 665 670

Lys Arg Thr His Leu Ala Val Val Gln Asp Leu Ala Leu Ser Gln Cys
 675 680 685

His Cys Val Phe Tyr Gly Gln Gln Val Glu Gly Arg Asn Phe Arg Asn
 690 695 700

Gln Phe Gln Pro Val Leu Arg Arg Arg Phe Val Asp Leu Phe Asn Gly
 705 710 715 720

Gly Phe Ile Ser Thr Arg Ser Ile Thr Val Thr Leu Ser Glu Gly Pro
 725 730 735

Val Ser Ala Pro Asn Pro Thr Leu Gly Gln Asp Ala Pro Ala Gly Arg
 740 745 750

Thr Phe Asp Gly Asp Leu Ala Arg Val Ser Val Glu Val Ile Arg Asp
 755 760 765

Ile Arg Val Lys Asn Arg Val Val Phe Ser Gly Asn Cys Thr Asn Leu
 770 775 780

Ser Glu Ala Ala Arg Ala Arg Leu Val Gly Leu Ala Ser Ala Tyr Gln
 785 790 795 800

Arg Gln Glu Lys Arg Val Asp Met Leu His Gly Ala Leu Gly Phe Leu
 805 810 815

Leu Lys Gln Phe His Gly Leu Leu Phe Pro Arg Gly Met Pro Pro Asn
 820 825 830

Ser Lys Ser Pro Asn Pro Gln Trp Phe Trp Thr Leu Leu Gln Arg Asn

835

840

845

Gln Met Pro Ala Asp Lys Leu Thr His Glu Glu Ile Thr Thr Ile Ala
 850 855 860

Ala Val Lys Arg Phe Thr Glu Glu Tyr Ala Ala Ile Asn Phe Ile Asn
 865 870 875 880

Leu Pro Pro Thr Cys Ile Gly Glu Leu Ala Gln Phe Tyr Met Ala Asn
 885 890 895

Leu Ile Leu Lys Tyr Cys Asp His Ser Gln Tyr Leu Ile Asn Thr Leu
 900 905 910

Thr Ser Ile Ile Thr Gly Ala Arg Arg Pro Arg Asp Pro Ser Ser Val
 915 920 925

Leu His Trp Ile Arg Lys Asp Val Thr Ser Ala Ala Asp Ile Glu Thr
 930 935 940

Gln Ala Lys Ala Leu Leu Glu Lys Thr Glu Asn Leu Pro Glu Leu Trp
 945 950 955 960

Thr Thr Ala Phe Thr Ser Thr His Leu Val Arg Ala Ala Met Asn Gln
 965 970 975

Arg Pro Met Val Val Leu Gly Ile Ser Ile Ser Lys Tyr His Gly Ala
 980 985 990

Ala Gly Asn Asn Arg Val Phe Gln Ala Gly Asn Trp Ser Gly Leu Asn
 995 1000 1005

Gly Gly Lys Asn Val Cys Pro Leu Phe Thr Phe Asp Arg Thr Arg
 1010 1015 1020

Arg Phe Ile Ile Ala Cys Pro Arg Gly Gly Phe Ile Cys Pro Val
 1025 1030 1035

Thr Gly Pro Ser Ser Gly Asn Arg Glu Thr Thr Leu Ser Asp Gln
1040 1045 1050

Val Arg Gly Ile Ile Val Ser Gly Gly Ala Met Val Gln Leu Ala
1055 1060 1065

Ile Tyr Ala Thr Val Val Arg Ala Val Gly Ala Arg Ala Gln His
1070 1075 1080

Met Ala Phe Asp Asp Trp Leu Ser Leu Thr Asp Asp Glu Phe Leu
1085 1090 1095

Ala Arg Asp Leu Glu Glu Leu His Asp Gln Ile Ile Gln Thr Leu
1100 1105 1110

Glu Thr Pro Trp Thr Val Glu Gly Ala Leu Glu Ala Val Lys Ile
1115 1120 1125

Leu Asp Glu Lys Thr Thr Ala Gly Asp Gly Glu Thr Pro Thr Asn
1130 1135 1140

Leu Ala Phe Asn Phe Asp Ser Cys Glu Pro Ser His Asp Thr Thr
1145 1150 1155

Ser Asn Val Leu Asn Ile Ser Gly Ser Asn Ile Ser Gly Ser Thr
1160 1165 1170

Val Pro Gly Leu Lys Arg Pro Pro Glu Asp Asp Glu Leu Phe Asp
1175 1180 1185

Leu Ser Gly Ile Pro Ile Lys His Gly Asn Ile Thr Met Glu Met
1190 1195 1200

Ile

<211> 770
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 22

Met Glu Leu Asp Ile Asn Arg Thr Leu Leu Val Leu Leu Gly Gln Val
 1 5 10 15

Tyr Thr Tyr Ile Phe Gln Val Glu Leu Leu Arg Arg Cys Asp Pro Arg
 20 25 30

Val Ala Cys Arg Phe Leu Tyr Arg Leu Ala Ala Asn Cys Leu Thr Val
 35 40 45

Arg Tyr Leu Leu Lys Leu Phe Leu Arg Gly Phe Asn Thr Gln Leu Lys
 50 55 60

Phe Gly Asn Thr Pro Thr Val Cys Ala Leu His Trp Ala Leu Cys Tyr
 65 70 75 80

Val Lys Gly Glu Gly Glu Arg Leu Phe Glu Leu Leu Gln His Phe Lys
 85 90 95

Thr Arg Phe Val Tyr Gly Glu Thr Lys Asp Ser Asn Cys Ile Lys Asp
 100 105 110

Tyr Phe Val Ser Ala Phe Asn Leu Lys Thr Cys Gln Tyr His His Glu
 115 120 125

Leu Ser Leu Thr Thr Tyr Gly Gly Tyr Val Ser Ser Glu Ile Gln Phe
 130 135 140

Leu His Asp Ile Glu Asn Phe Leu Lys Gln Leu Asn Tyr Cys Tyr Ile
 145 150 155 160

Ile Thr Ser Ser Arg Glu Ala Leu Asn Thr Leu Glu Thr Val Thr Arg
 165 170 175

Phe Met Thr Asp Thr Ile Gly Ser Gly Leu Ile Pro Pro Val Glu Leu
 180 185 190

Phe Asp Pro Ala His Pro Cys Ala Ile Cys Phe Glu Glu Leu Cys Ile
 195 200 205

Thr Ala Asn Gln Gly Glu Thr Leu His Arg Arg Leu Leu Gly Cys Ile
 210 215 220

Cys Asp His Val Thr Lys Gln Val Arg Val Asn Val Asp Val Asp Asp
 225 230 235 240

Ile Ile Arg Cys Leu Pro Tyr Ile Pro Asp Val Pro Asp Ile Lys Arg
 245 250 255

Gln Ser Ala Val Glu Ala Leu Arg Thr Leu Gln Thr Lys Thr Val Val
 260 265 270

Asn Pro Met Gly Ala Lys Asn Asp Thr Phe Asp Gln Thr Tyr Glu Ile
 275 280 285

Ala Ser Thr Met Leu Asp Ser Tyr Asn Val Phe Lys Pro Ala Pro Arg
 290 295 300

Cys Met Tyr Ala Ile Ser Glu Leu Lys Phe Trp Leu Thr Ser Asn Ser
 305 310 315 320

Thr Glu Gly Pro Gln Arg Thr Leu Asp Val Phe Val Asp Asn Leu Asp
 325 330 335

Val Leu Asn Glu His Glu Lys His Ala Glu Leu Thr Ala Val Thr Val
 340 345 350

Glu Leu Ala Leu Phe Gly Lys Thr Pro Ile His Phe Asp Arg Ala Phe
 355 360 365

Ser Glu Glu Leu Gly Ser Leu Asp Ala Ile Asp Ser Ile Leu Val Gly
 370 375 380

Asn Arg Ser Ser Ser Pro Asp Ser Gln Ile Glu Ala Leu Ile Lys Ala
385 390 395 400

Cys Tyr Ala His His Leu Ser Ser Pro Leu Met Arg His Ile Ser Asn
405 410 415

Pro Ser His Asp Asn Glu Ala Ala Leu Arg Gln Leu Leu Glu Arg Val
420 425 430

Gly Cys Glu Asp Asp Leu Thr Lys Glu Ala Ser Asp Ser Ala Thr Ala
435 440 445

Ser Glu Cys Asp Leu Asn Asp Asp Ser Ser Ile Thr Phe Ala Val His
450 455 460

Gly Trp Glu Asn Leu Leu Ser Lys Ala Lys Ile Asp Ala Ala Glu Arg
465 470 475 480

Lys Arg Val Tyr Leu Glu His Leu Ser Lys Arg Ser Leu Thr Ser Leu
485 490 495

Gly Arg Cys Ile Arg Glu Gln Arg Gln Glu Leu Glu Lys Thr Leu Arg
500 505 510

Val Asn Val Tyr Gly Glu Ala Leu Leu Gln Thr Phe Val Ser Met Gln
515 520 525

Asn Gly Phe Gly Ala Arg Asn Val Phe Leu Ala Lys Val Ser Gln Ala
530 535 540

Gly Cys Ile Ile Asp Asn Arg Ile Gln Glu Ala Ala Phe Asp Ala His
545 550 555 560

Arg Phe Ile Arg Asn Thr Leu Val Arg His Thr Val Asp Ala Ala Met
565 570 575

Leu Pro Ala Leu Thr His Lys Phe Phe Glu Leu Val Asn Gly Pro Leu
580 585 590

Phe Asn His Asp Glu His Arg Phe Ala Gln Pro Pro Asn Thr Ala Leu
595 600 605

Phe Phe Thr Val Glu Asn Val Gly Leu Phe Pro His Leu Lys Glu Glu
610 615 620

Leu Ala Lys Phe Met Gly Gly Val Val Gly Ser Asn Trp Leu Leu Ser
625 630 635 640

Pro Phe Arg Gly Phe Tyr Cys Phe Ser Gly Val Glu Gly Val Thr Phe
645 650 655

Ala Gln Arg Leu Ala Trp Lys Tyr Ile Arg Glu Leu Val Phe Ala Thr
660 665 670

Thr Leu Phe Thr Ser Val Phe His Cys Gly Glu Val Arg Leu Cys Arg
675 680 685

Val Asp Arg Leu Gly Lys Asp Pro Arg Gly Cys Thr Ser Gln Pro Lys
690 695 700

Gly Ile Gly Ser Ser His Gly Pro Leu Asp Gly Ile Tyr Leu Thr Tyr
705 710 715 720

Glu Glu Thr Cys Pro Leu Val Ala Ile Ile Gln Ser Gly Glu Thr Gly
725 730 735

Ile Asp Gln Asn Thr Val Val Ile Tyr Asp Ser Asp Val Phe Ser Leu
740 745 750

Leu Tyr Thr Leu Met Gln Arg Leu Ala Pro Asp Ser Thr Asp Pro Ala
755 760 765

Phe Ser
770

<210> 23
 <211> 868
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 23

Met Phe Val Thr Ala Val Val Ser Val Ser Pro Ser Ser Phe Tyr Glu
 1 5 10 15

Ser Leu Gln Val Glu Pro Thr Gln Ser Glu Asp Ile Thr Arg Ser Ala
 20 25 30

His Leu Gly Asp Gly Asp Glu Ile Arg Glu Ala Ile His Lys Ser Gln
 35 40 45

Asp Ala Glu Thr Lys Pro Thr Phe Tyr Val Cys Pro Pro Pro Thr Gly
 50 55 60

Ser Thr Ile Val Arg Leu Glu Pro Thr Arg Thr Cys Pro Asp Tyr His
 65 70 75 80

Leu Gly Lys Asn Phe Thr Glu Gly Ile Ala Val Val Tyr Lys Glu Asn
 85 90 95

Ile Ala Ala Tyr Lys Phe Lys Ala Thr Val Tyr Tyr Lys Asp Val Ile
 100 105 110

Val Ser Thr Ala Trp Ala Gly Ser Ser Tyr Thr Gln Ile Thr Asn Arg
 115 120 125

Tyr Ala Asp Arg Val Pro Ile Pro Val Ser Glu Ile Thr Asp Thr Ile
 130 135 140

Asp Lys Phe Gly Lys Cys Ser Ser Lys Ala Thr Tyr Val Arg Asn Asn
 145 150 155 160

His Lys Val Glu Ala Phe Asn Glu Asp Lys Asn Pro Gln Asp Met Pro

165

170

175

Leu Ile Ala Ser Lys Tyr Asn Ser Val Gly Ser Lys Ala Trp His Thr
180 185 190

Thr Asn Asp Thr Tyr Met Val Ala Gly Thr Pro Gly Thr Tyr Arg Thr
195 200 205

Gly Thr Ser Val Asn Cys Ile Ile Glu Glu Val Glu Ala Arg Ser Ile
210 215 220

Phe Pro Tyr Asp Ser Phe Gly Leu Ser Thr Gly Asp Ile Ile Tyr Met
225 230 235 240

Ser Pro Phe Phe Gly Leu Arg Asp Gly Ala Tyr Arg Glu His Ser Asn
245 250 255

Tyr Ala Met Asp Arg Phe His Gln Phe Glu Gly Tyr Arg Gln Arg Asp
260 265 270

Leu Asp Thr Arg Ala Leu Leu Glu Pro Ala Ala Arg Asn Phe Leu Val
275 280 285

Thr Pro His Leu Thr Val Gly Trp Asn Trp Lys Pro Lys Arg Thr Glu
290 295 300

Val Cys Ser Leu Val Lys Trp Arg Glu Val Glu Asp Val Val Arg Asp
305 310 315 320

Glu Tyr Ala His Asn Phe Arg Phe Thr Met Lys Thr Leu Ser Thr Thr
325 330 335

Phe Ile Ser Glu Thr Asn Glu Phe Asn Leu Asn Gln Ile His Leu Ser
340 345 350

Gln Cys Val Lys Glu Glu Ala Arg Ala Ile Ile Asn Arg Ile Tyr Thr
355 360 365

Thr Arg Tyr Asn Ser Ser His Val Arg Thr Gly Asp Ile Gln Thr Tyr
370 375 380

Leu Ala Arg Gly Gly Phe Val Val Val Phe Gln Pro Leu Leu Ser Asn
385 390 395 400

Ser Leu Ala Arg Leu Tyr Leu Gln Glu Leu Val Arg Glu Asn Thr Asn
405 410 415

His Ser Pro Gln Lys His Pro Thr Arg Asn Thr Arg Ser Arg Arg Ser
420 425 430

Val Pro Val Glu Leu Arg Ala Asn Arg Thr Ile Thr Thr Thr Ser Ser
435 440 445

Val Glu Phe Ala Met Leu Gln Phe Thr Tyr Asp His Ile Gln Glu His
450 455 460

Val Asn Glu Met Leu Ala Arg Ile Ser Ser Ser Trp Cys Gln Leu Gln
465 470 475 480

Asn Arg Glu Arg Ala Leu Trp Ser Gly Leu Phe Pro Ile Asn Pro Ser
485 490 495

Ala Leu Ala Ser Thr Ile Leu Asp Gln Arg Val Lys Ala Arg Ile Leu
500 505 510

Gly Asp Val Ile Ser Val Ser Asn Cys Pro Glu Leu Gly Ser Asp Thr
515 520 525

Arg Ile Ile Leu Gln Asn Ser Met Arg Val Ser Gly Ser Thr Thr Arg
530 535 540

Cys Tyr Ser Arg Pro Leu Ile Ser Ile Val Ser Leu Asn Gly Ser Gly
545 550 555 560

Thr Val Glu Gly Gln Leu Gly Thr Asp Asn Glu Leu Ile Met Ser Arg

565

570

575

Asp Leu Leu Glu Pro Cys Val Ala Asn His Lys Arg Tyr Phe Leu Phe
 580 585 590

Gly His His Tyr Val Tyr Tyr Glu Asp Tyr Arg Tyr Val Arg Glu Ile
 595 600 605

Ala Val His Asp Val Gly Met Ile Ser Thr Tyr Val Asp Leu Asn Leu
 610 615 620

Thr Leu Leu Lys Asp Arg Glu Phe Met Pro Leu Gln Val Tyr Thr Arg
 625 630 635 640

Asp Glu Leu Arg Asp Thr Gly Leu Leu Asp Tyr Ser Glu Ile Gln Arg
 645 650 655

Arg Asn Gln Met His Ser Leu Arg Phe Tyr Asp Ile Asp Lys Val Val
 660 665 670

Gln Tyr Asp Ser Gly Thr Ala Ile Met Gln Gly Met Ala Gln Phe Phe
 675 680 685

Gln Gly Leu Gly Thr Ala Gly Gln Ala Val Gly His Val Val Leu Gly
 690 695 700

Ala Thr Gly Ala Leu Leu Ser Thr Val His Gly Phe Thr Thr Phe Leu
 705 710 715 720

Ser Asn Pro Phe Gly Ala Leu Ala Val Gly Leu Leu Val Leu Ala Gly
 725 730 735

Leu Val Ala Ala Phe Phe Ala Tyr Arg Tyr Val Leu Lys Leu Lys Thr
 740 745 750

Ser Pro Met Lys Ala Leu Tyr Pro Leu Thr Thr Lys Gly Leu Lys Gln
 755 760 765

Leu Pro Glu Gly Met Asp Pro Phe Ala Glu Lys Pro Asn Ala Thr Asp
 770 775 780

Thr Pro Ile Glu Glu Ile Gly Asp Ser Gln Asn Thr Glu Pro Ser Val
 785 790 795 800

Asn Ser Gly Phe Asp Pro Asp Lys Phe Arg Glu Ala Gln Glu Met Ile
 805 810 815

Lys Tyr Met Thr Leu Val Ser Ala Ala Glu Arg Gln Glu Ser Lys Ala
 820 825 830

Arg Lys Lys Asn Lys Thr Ser Ala Leu Leu Thr Ser Arg Leu Thr Gly
 835 840 845

Leu Ala Leu Arg Asn Arg Arg Gly Tyr Ser Arg Val Arg Thr Glu Asn
 850 855 860

Val Thr Gly Val
 865

<210> 24
 <211> 143
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 24

Met Glu Ser Ser Asn Ile Asn Ala Leu Gln Gln Pro Ser Ser Ile Ala
 1 5 10 15

His His Pro Ser Lys Gln Cys Ala Ser Ser Leu Asn Glu Thr Val Lys
 20 25 30

Asp Ser Pro Pro Ala Ile Tyr Glu Asp Arg Leu Glu His Thr Pro Val
 35 40 45

Gln Leu Pro Arg Asp Gly Thr Pro Arg Asp Val Cys Ser Val Gly Gln
 50 55 60

Leu Thr Cys Arg Ala Cys Ala Thr Lys Pro Phe Arg Leu Asn Arg Asp
65 70 75 80

Ser Gln Tyr Asp Tyr Leu Asn Thr Cys Pro Gly Gly Arg His Ile Ser
85 90 95

Leu Ala Leu Glu Ile Ile Thr Gly Arg Trp Val Cys Ile Pro Arg Val
100 105 110

Phe Pro Asp Thr Pro Glu Glu Lys Trp Met Ala Pro Tyr Ile Ile Pro
115 120 125

Asp Arg Glu Gln Pro Ser Ser Gly Asp Glu Asp Ser Asp Thr Asp
130 135 140

<210> 25

<211> 341

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 25

Met Ser Thr Asp Lys Thr Asp Val Lys Met Gly Val Leu Arg Ile Tyr
1 5 10 15

Leu Asp Gly Ala Tyr Gly Ile Gly Lys Thr Thr Ala Ala Glu Glu Phe
20 25 30

Leu His His Phe Ala Ile Thr Pro Asn Arg Ile Leu Leu Ile Gly Glu
35 40 45

Pro Leu Ser Tyr Trp Arg Asn Leu Ala Gly Glu Asp Ala Ile Cys Gly
50 55 60

Ile Tyr Gly Thr Gln Thr Arg Arg Leu Asn Gly Asp Val Ser Pro Glu
65 70 75 80

Asp Ala Gln Arg Leu Thr Ala His Phe Gln Ser Leu Phe Cys Ser Pro

85

90

95

His Ala Ile Met His Ala Lys Ile Ser Ala Leu Met Asp Thr Ser Thr
100 105 110

Ser Asp Leu Val Gln Val Asn Lys Glu Pro Tyr Lys Ile Met Leu Ser
115 120 125

Asp Arg His Pro Ile Ala Ser Thr Ile Cys Phe Pro Leu Ser Arg Tyr
130 135 140

Leu Val Gly Asp Met Ser Pro Ala Ala Leu Pro Gly Leu Leu Phe Thr
145 150 155 160

Leu Pro Ala Glu Pro Pro Gly Thr Asn Leu Val Val Cys Thr Val Ser
165 170 175

Leu Pro Ser His Leu Ser Arg Val Ser Lys Arg Ala Arg Pro Gly Glu
180 185 190

Thr Val Asn Leu Pro Phe Val Met Val Leu Arg Asn Val Tyr Ile Met
195 200 205

Leu Ile Asn Thr Ile Ile Phe Leu Lys Thr Asn Asn Trp His Ala Gly
210 215 220

Trp Asn Thr Leu Ser Phe Cys Asn Asp Val Phe Lys Gln Lys Leu Gln
225 230 235 240

Lys Ser Glu Cys Ile Lys Leu Arg Glu Val Pro Gly Ile Glu Asp Thr
245 250 255

Leu Phe Ala Val Leu Lys Leu Pro Glu Leu Cys Gly Glu Phe Gly Asn
260 265 270

Ile Leu Pro Leu Trp Ala Trp Gly Met Glu Thr Leu Ser Asn Cys Ser
275 280 285

Arg Ser Met Ser Pro Phe Val Leu Ser Leu Glu Gln Thr Pro Gln His
 290 295 300

Ala Ala Gln Glu Leu Lys Thr Leu Leu Pro Gln Met Thr Pro Ala Asn
 305 310 315 320

Met Ser Ser Gly Ala Trp Asn Ile Leu Lys Glu Leu Val Asn Ala Val
 325 330 335

Gln Asp Asn Thr Ser
 340

<210> 26
 <211> 841
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 26

Met Phe Ala Leu Val Leu Ala Val Val Ile Leu Pro Leu Trp Thr Thr
 1 5 10 15

Ala Asn Lys Ser Tyr Val Thr Pro Thr Pro Ala Thr Arg Ser Ile Gly
 20 25 30

His Met Ser Ala Leu Leu Arg Glu Tyr Ser Asp Arg Asn Met Ser Leu
 35 40 45

Lys Leu Glu Ala Phe Tyr Pro Thr Gly Phe Asp Glu Glu Leu Ile Lys
 50 55 60

Ser Leu His Trp Gly Asn Asp Arg Lys His Val Phe Leu Val Ile Val
 65 70 75 80

Lys Val Asn Pro Thr Thr His Glu Gly Asp Val Gly Leu Val Ile Phe
 85 90 95

Pro Lys Tyr Leu Leu Ser Pro Tyr His Phe Lys Ala Glu His Arg Ala
 100 105 110

Pro Phe Pro Ala Gly Arg Phe Gly Phe Leu Ser His Pro Val Thr Pro
115 120 125

Asp Val Ser Phe Phe Asp Ser Ser Phe Ala Pro Tyr Leu Thr Thr Gln
130 135 140

His Leu Val Ala Phe Thr Thr Phe Pro Pro Asn Pro Leu Val Trp His
145 150 155 160

Leu Glu Arg Ala Glu Thr Ala Ala Thr Ala Glu Arg Pro Phe Gly Val
165 170 175

Ser Leu Leu Pro Ala Arg Pro Thr Val Pro Lys Asn Thr Ile Leu Glu
180 185 190

His Lys Ala His Phe Ala Thr Trp Asp Ala Leu Ala Arg His Thr Phe
195 200 205

Phe Ser Ala Glu Ala Ile Ile Thr Asn Ser Thr Leu Arg Ile His Val
210 215 220

Pro Leu Phe Gly Ser Val Trp Pro Ile Arg Tyr Trp Ala Thr Gly Ser
225 230 235 240

Val Leu Leu Thr Ser Asp Ser Gly Arg Val Glu Val Asn Ile Gly Val
245 250 255

Gly Phe Met Ser Ser Leu Ile Ser Leu Ser Ser Gly Pro Pro Ile Glu
260 265 270

Leu Ile Val Val Pro His Thr Val Lys Leu Asn Ala Val Thr Ser Asp
275 280 285

Thr Thr Trp Phe Gln Leu Asn Pro Pro Gly Pro Asp Pro Gly Pro Ser
290 295 300

Tyr Arg Val Tyr Leu Leu Gly Arg Gly Leu Asp Met Asn Phe Ser Lys
305 310 315 320

His Ala Thr Val Asp Ile Cys Ala Tyr Pro Glu Glu Ser Leu Asp Tyr
325 330 335

Arg Tyr His Leu Ser Met Ala His Thr Glu Ala Leu Arg Met Thr Thr
340 345 350

Lys Ala Asp Gln His Asp Ile Asn Glu Glu Ser Tyr Tyr His Ile Ala
355 360 365

Ala Arg Ile Ala Thr Ser Ile Phe Ala Leu Ser Glu Met Gly Arg Thr
370 375 380

Thr Glu Tyr Phe Leu Leu Asp Glu Ile Val Asp Val Gln Tyr Gln Leu
385 390 395 400

Lys Phe Leu Asn Tyr Ile Leu Met Arg Ile Gly Ala Gly Ala His Pro
405 410 415

Asn Thr Ile Ser Gly Thr Ser Asp Leu Ile Phe Ala Asp Pro Ser Gln
420 425 430

Leu His Asp Glu Leu Ser Leu Leu Phe Gly Gln Val Lys Pro Ala Asn
435 440 445

Val Asp Tyr Phe Ile Ser Tyr Asp Glu Ala Arg Asp Gln Leu Lys Thr
450 455 460

Ala Tyr Ala Leu Ser Arg Gly Gln Asp His Val Asn Ala Leu Ser Leu
465 470 475 480

Ala Arg Arg Val Ile Met Ser Ile Tyr Lys Gly Leu Leu Val Lys Gln
485 490 495

Asn Leu Asn Ala Thr Glu Arg Gln Ala Leu Phe Phe Ala Ser Met Ile
500 505 510

Leu Leu Asn Phe Arg Glu Gly Leu Glu Asn Ser Ser Arg Val Leu Asp
515 520 525

Gly Arg Thr Thr Leu Leu Leu Met Thr Ser Met Cys Thr Ala Ala His
530 535 540

Ala Thr Gln Ala Ala Leu Asn Ile Gln Glu Gly Leu Ala Tyr Leu Asn
545 550 555 560

Pro Ser Lys His Met Phe Thr Ile Pro Asn Val Tyr Ser Pro Cys Met
565 570 575

Gly Ser Leu Arg Thr Asp Leu Thr Glu Glu Ile His Val Met Asn Leu
580 585 590

Leu Ser Ala Ile Pro Thr Arg Pro Gly Leu Asn Glu Val Leu His Thr
595 600 605

Gln Leu Asp Glu Ser Glu Ile Phe Asp Ala Ala Phe Lys Thr Met Met
610 615 620

Ile Phe Thr Thr Trp Thr Ala Lys Asp Leu His Ile Leu His Thr His
625 630 635 640

Val Pro Glu Val Phe Thr Cys Gln Asp Ala Ala Ala Arg Asn Gly Glu
645 650 655

Tyr Val Leu Ile Leu Pro Ala Val Gln Gly His Ser Tyr Val Ile Thr
660 665 670

Arg Asn Lys Pro Gln Arg Gly Leu Val Tyr Ser Leu Ala Asp Val Asp
675 680 685

Val Tyr Asn Pro Ile Ser Val Val Tyr Leu Ser Arg Asp Thr Cys Val
690 695 700

Ser Glu His Gly Val Ile Glu Thr Val Ala Leu Pro His Pro Asp Asn
705 710 715 720

Leu Lys Glu Cys Leu Tyr Cys Gly Ser Val Phe Leu Arg Tyr Leu Thr
725 730 735

Thr Gly Ala Ile Met Asp Ile Ile Ile Ile Asp Ser Lys Asp Thr Glu
740 745 750

Arg Gln Leu Ala Ala Met Gly Asn Ser Thr Ile Pro Pro Phe Asn Pro
755 760 765

Asp Met His Gly Asp Asp Ser Lys Ala Val Leu Leu Phe Pro Asn Gly
770 775 780

Thr Val Val Thr Leu Leu Gly Phe Glu Arg Arg Gln Ala Ile Arg Met
785 790 795 800

Ser Gly Gln Tyr Leu Gly Ala Ser Leu Gly Gly Ala Phe Leu Ala Val
805 810 815

Val Gly Phe Gly Ile Ile Gly Trp Met Leu Cys Gly Asn Ser Arg Leu
820 825 830

Arg Glu Tyr Asn Lys Ile Pro Leu Thr
835 840

<210> 27

<211> 240

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 27

Met Asn Pro Pro Gln Ala Arg Val Ser Glu Gln Thr Lys Asp Leu Leu
1 5 10 15

Ser Val Met Val Asn Gln His Pro Glu Glu Asp Ala Lys Val Cys Lys
20 25 30

Ser Ser Asp Asn Ser Pro Leu Tyr Asn Thr Met Val Met Leu Ser Tyr
35 40 45

Gly Gly Asp Thr Asp Leu Leu Leu Ser Ser Ala Cys Thr Arg Thr Ser
50 55 60

Thr Val Asn Arg Ser Ala Phe Thr Gln His Ser Val Phe Tyr Ile Ile
65 70 75 80

Ser Thr Val Leu Ile Gln Pro Ile Cys Cys Ile Phe Phe Phe Phe Tyr
85 90 95

Tyr Lys Ala Thr Arg Cys Met Leu Leu Phe Thr Ala Gly Leu Leu Leu
100 105 110

Thr Ile Leu His His Phe Arg Leu Ile Ile Met Leu Leu Cys Val Tyr
115 120 125

Arg Asn Ile Arg Ser Asp Leu Leu Pro Leu Ser Thr Ser Gln Gln Leu
130 135 140

Leu Leu Gly Ile Ile Val Val Thr Arg Thr Met Leu Phe Cys Ile Thr
145 150 155 160

Ala Tyr Tyr Thr Leu Phe Ile Asp Thr Arg Val Phe Phe Leu Ile Thr
165 170 175

Gly His Leu Gln Ser Glu Val Ile Phe Pro Asp Ser Val Ser Lys Ile
180 185 190

Leu Pro Val Ser Trp Gly Pro Ser Pro Ala Val Leu Leu Val Met Ala
195 200 205

Ala Val Ile Tyr Ala Met Asp Cys Leu Val Asp Thr Val Ser Phe Ile
210 215 220

Gly Pro Arg Val Trp Val Arg Val Met Leu Lys Thr Ser Ile Ser Phe

225

230

235

240

<210> 28

<211> 1396

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 28

Met Thr Thr Val Ser Cys Pro Ala Asn Val Ile Thr Thr Thr Glu Ser
1 5 10 15

Asp Arg Ile Ala Gly Leu Phe Asn Ile Pro Ala Gly Ile Ile Pro Thr
20 25 30

Gly Asn Val Leu Ser Thr Ile Glu Val Cys Ala His Arg Cys Ile Phe
35 40 45

Asp Phe Phe Lys Gln Ile Arg Ser Asp Asp Asn Ser Leu Tyr Ser Ala
50 55 60

Gln Phe Asp Ile Leu Leu Gly Thr Tyr Cys Asn Thr Leu Asn Phe Val
65 70 75 80

Arg Phe Leu Glu Leu Gly Leu Ser Val Ala Cys Ile Cys Thr Lys Phe
85 90 95

Pro Glu Leu Ala Tyr Val Arg Asp Gly Val Ile Gln Phe Glu Val Gln
100 105 110

Gln Pro Met Ile Ala Arg Asp Gly Pro His Pro Val Asp Gln Pro Val
115 120 125

His Asn Tyr Met Val Lys Arg Ile His Lys Arg Ser Leu Ser Ala Ala
130 135 140

Phe Ala Ile Ala Ser Glu Ala Leu Ser Leu Leu Ser Asn Thr Tyr Val
145 150 155 160

Asp Gly Thr Glu Ile Asp Ser Ser Leu Arg Ile Arg Ala Ile Gln Gln
 165 170 175

Met Ala Arg Asn Leu Arg Thr Val Leu Asp Ser Phe Glu Arg Gly Thr
 180 185 190

Ala Asp Gln Leu Leu Gly Val Leu Leu Glu Lys Ala Pro Pro Leu Ser
 195 200 205

Leu Leu Ser Pro Ile Asn Lys Phe Gln Pro Glu Gly His Leu Asn Arg
 210 215 220

Val Ala Arg Ala Ala Leu Leu Ser Asp Leu Lys Arg Arg Val Cys Ala
 225 230 235 240

Asp Met Phe Phe Met Thr Arg His Ala Arg Glu Pro Arg Leu Ile Ser
 245 250 255

Ala Tyr Leu Ser Asp Met Val Ser Cys Thr Gln Pro Ser Val Met Val
 260 265 270

Ser Arg Ile Thr His Thr Asn Thr Arg Gly Arg Gln Val Asp Gly Val
 275 280 285

Leu Val Thr Thr Ala Thr Leu Lys Arg Gln Leu Leu Gln Gly Ile Leu
 290 295 300

Gln Ile Asp Asp Thr Ala Ala Asp Val Pro Val Thr Tyr Gly Glu Met
 305 310 315 320

Val Leu Gln Gly Thr Asn Leu Val Thr Ala Leu Val Met Gly Lys Ala
 325 330 335

Val Arg Gly Met Asp Asp Val Ala Arg His Leu Leu Asp Ile Thr Asp
 340 345 350

Pro Asn Thr Leu Asn Ile Pro Ser Ile Pro Pro Gln Ser Asn Ser Asp
 355 360 365

Ser Thr Thr Ala Gly Leu Pro Val Asn Ala Arg Val Pro Ala Asp Leu
370 375 380

Val Ile Val Gly Asp Lys Leu Val Phe Leu Glu Ala Leu Glu Arg Arg
385 390 395 400

Val Tyr Gln Ala Thr Arg Val Ala Tyr Pro Leu Ile Gly Asn Ile Asp
405 410 415

Ile Thr Phe Ile Met Pro Met Gly Val Phe Gln Ala Asn Ser Met Asp
420 425 430

Arg Tyr Thr Arg His Ala Gly Asp Phe Ser Thr Val Ser Glu Gln Asp
435 440 445

Pro Arg Gln Phe Pro Pro Gln Gly Ile Phe Phe Tyr Asn Lys Asp Gly
450 455 460

Ile Leu Thr Gln Leu Thr Leu Arg Asp Ala Met Gly Thr Ile Cys His
465 470 475 480

Ser Ser Leu Leu Asp Val Glu Ala Thr Leu Val Ala Leu Arg Gln Gln
485 490 495

His Leu Asp Arg Gln Cys Tyr Phe Gly Val Tyr Val Ala Glu Gly Thr
500 505 510

Glu Asp Thr Leu Asp Val Gln Met Gly Arg Phe Met Glu Thr Trp Ala
515 520 525

Asp Met Met Pro His His Pro His Trp Val Asn Glu His Leu Thr Ile
530 535 540

Leu Gln Phe Ile Ala Pro Ser Asn Pro Arg Leu Arg Phe Glu Leu Asn
545 550 555 560

Pro Ala Phe Asp Phe Phe Val Ala Pro Gly Asp Val Asp Leu Pro Gly
565 570 575

Pro Gln Arg Pro Pro Glu Ala Met Pro Thr Val Asn Ala Thr Leu Arg
580 585 590

Ile Ile Asn Gly Asn Ile Pro Val Pro Leu Cys Pro Ile Ser Phe Arg
595 600 605

Asp Cys Arg Gly Thr Gln Leu Gly Leu Gly Arg His Thr Met Thr Pro
610 615 620

Ala Thr Ile Lys Ala Val Lys Asp Thr Phe Glu Asp Arg Ala Tyr Pro
625 630 635 640

Thr Ile Phe Tyr Met Leu Glu Ala Val Ile His Gly Asn Glu Arg Asn
645 650 655

Phe Cys Ala Leu Leu Arg Leu Leu Thr Gln Cys Ile Arg Gly Tyr Trp
660 665 670

Glu Gln Ser His Arg Val Ala Phe Val Asn Asn Phe His Met Leu Met
675 680 685

Tyr Ile Thr Thr Tyr Leu Gly Asn Gly Glu Leu Pro Glu Val Cys Ile
690 695 700

Asn Ile Tyr Arg Asp Leu Leu Gln His Val Arg Ala Leu Arg Gln Thr
705 710 715 720

Ile Thr Asp Phe Thr Ile Gln Gly Glu Gly His Asn Gly Glu Thr Ser
725 730 735

Glu Ala Leu Asn Asn Ile Leu Thr Asp Asp Thr Phe Ile Ala Pro Ile
740 745 750

Leu Trp Asp Cys Asp Ala Leu Ile Tyr Arg Asp Glu Ala Ala Arg Asp
755 760 765

Arg Leu Pro Ala Ile Arg Val Ser Gly Arg Asn Gly Tyr Gln Ala Leu
770 775 780

His Phe Val Asp Met Ala Gly His Asn Phe Gln Arg Arg Asp Asn Val
785 790 795 800

Leu Ile His Gly Arg Pro Val Arg Gly Asp Thr Gly Gln Gly Ile Pro
805 810 815

Ile Thr Pro His His Asp Arg Glu Trp Gly Ile Leu Ser Lys Ile Tyr
820 825 830

Tyr Tyr Ile Val Ile Pro Ala Phe Ser Arg Gly Ser Cys Cys Thr Met
835 840 845

Gly Val Arg Tyr Asp Arg Leu Tyr Pro Ala Leu Gln Ala Val Ile Val
850 855 860

Pro Glu Ile Pro Ala Asp Glu Glu Ala Pro Thr Thr Pro Glu Asp Pro
865 870 875 880

Arg His Pro Leu His Ala His Gln Leu Val Pro Asn Ser Leu Asn Val
885 890 895

Tyr Phe His Asn Ala His Leu Thr Val Asp Gly Asp Ala Leu Leu Thr
900 905 910

Leu Gln Glu Leu Met Gly Asp Met Ala Glu Arg Thr Thr Ala Ile Leu
915 920 925

Val Ser Ser Ala Pro Asp Ala Gly Ala Ala Thr Ala Thr Thr Arg Asn
930 935 940

Met Arg Ile Tyr Asp Gly Ala Leu Tyr His Gly Leu Ile Met Met Ala
945 950 955 960

Tyr Gln Ala Tyr Asp Glu Thr Ile Ala Thr Gly Thr Phe Phe Tyr Pro
 965 970 975

Val Pro Val Asn Pro Leu Phe Ala Cys Pro Glu His Leu Ala Ser Leu
 980 985 990

Arg Gly Met Thr Asn Ala Arg Arg Val Leu Ala Lys Met Val Pro Pro
 995 1000 1005

Ile Pro Pro Phe Leu Gly Ala Asn His His Ala Thr Ile Arg Gln
 1010 1015 1020

Pro Val Ala Tyr His Val Thr His Ser Lys Ser Asp Phe Asn Thr
 1025 1030 1035

Leu Thr Tyr Ser Leu Leu Gly Gly Tyr Phe Lys Phe Thr Pro Ile
 1040 1045 1050

Ser Leu Thr His Gln Leu Arg Thr Gly Phe His Pro Gly Ile Ala
 1055 1060 1065

Phe Thr Val Val Arg Gln Asp Arg Phe Ala Thr Glu Gln Leu Leu
 1070 1075 1080

Tyr Ala Glu Arg Ala Ser Glu Ser Tyr Phe Val Gly Gln Ile Gln
 1085 1090 1095

Val His His His Asp Ala Ile Gly Gly Val Asn Phe Thr Leu Thr
 1100 1105 1110

Gln Pro Arg Ala His Val Asp Leu Gly Val Gly Tyr Thr Ala Val
 1115 1120 1125

Cys Ala Thr Ala Ala Leu Arg Cys Pro Leu Thr Asp Met Gly Asn
 1130 1135 1140

Thr Ala Gln Asn Leu Phe Phe Ser Arg Gly Gly Val Pro Met Leu
 1145 1150 1155

His Asp Asn Val Thr Glu Ser Leu Arg Arg Ile Thr Ala Ser Gly
1160 1165 1170

Gly Arg Leu Asn Pro Thr Glu Pro Leu Pro Ile Phe Gly Gly Leu
1175 1180 1185

Arg Pro Ala Thr Ser Ala Gly Ile Ala Arg Gly Gln Ala Ser Val
1190 1195 1200

Cys Glu Phe Val Ala Met Pro Val Ser Thr Asp Leu Gln Tyr Phe
1205 1210 1215

Arg Thr Ala Cys Asn Pro Arg Gly Arg Ala Ser Gly Met Leu Tyr
1220 1225 1230

Met Gly Asp Arg Asp Ala Asp Ile Glu Ala Ile Met Phe Asp His
1235 1240 1245

Thr Gln Ser Asp Val Ala Tyr Thr Asp Arg Ala Thr Leu Asn Pro
1250 1255 1260

Trp Ala Ser Gln Lys His Ser Tyr Gly Asp Arg Leu Tyr Asn Gly
1265 1270 1275

Thr Tyr Asn Leu Thr Gly Ala Ser Pro Ile Tyr Ser Pro Cys Phe
1280 1285 1290

Lys Phe Phe Thr Pro Ala Glu Val Asn Thr Asn Cys Asn Thr Leu
1295 1300 1305

Asp Arg Leu Leu Met Glu Ala Lys Ala Val Ala Ser Gln Ser Ser
1310 1315 1320

Thr Asp Thr Glu Tyr Gln Phe Lys Arg Pro Pro Gly Ser Thr Glu
1325 1330 1335

Met Thr Gln Asp Pro Cys Gly Leu Phe Gln Glu Ala Tyr Pro Pro
 1340 1345 1350

Leu Cys Ser Ser Asp Ala Ala Met Leu Arg Thr Ala His Ala Gly
 1355 1360 1365

Glu Thr Gly Ala Asp Glu Val His Leu Ala Gln Tyr Leu Ile Arg
 1370 1375 1380

Asp Ala Ser Pro Leu Arg Gly Cys Leu Pro Leu Pro Arg
 1385 1390 1395

<210> 29
 <211> 316
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 29

Met Ala Met Pro Phe Glu Ile Glu Val Leu Leu Pro Gly Glu Leu Ser
 1 5 10 15

Pro Ala Glu Thr Ser Ala Leu Gln Lys Cys Glu Gly Lys Ile Ile Thr
 20 25 30

Phe Ser Thr Leu Arg His Arg Ala Ser Leu Val Asp Ile Ala Leu Ser
 35 40 45

Ser Tyr Tyr Ile Asn Gly Ala Pro Pro Asp Thr Leu Ser Leu Leu Glu
 50 55 60

Ala Tyr Arg Met Arg Phe Ala Ala Val Ile Thr Arg Val Ile Pro Gly
 65 70 75 80

Lys Leu Leu Ala His Ala Ile Gly Val Gly Thr Pro Thr Pro Gly Leu
 85 90 95

Phe Ile Gln Asn Thr Ser Pro Val Asp Leu Cys Asn Gly Asp Tyr Ile
 100 105 110

Cys Leu Leu Pro Pro Val Phe Gly Ser Ala Asp Ser Ile Arg Leu Asp
115 120 125

Ser Val Gly Leu Glu Ile Val Phe Pro Leu Thr Ile Pro Gln Thr Leu
130 135 140

Met Arg Glu Ile Ile Ala Lys Val Val Ala Arg Ala Val Glu Arg Thr
145 150 155 160

Ala Ala Gly Ala Gln Ile Leu Pro His Glu Val Leu Arg Gly Ala Asp
165 170 175

Val Ile Cys Tyr Asn Gly Arg Arg Tyr Glu Leu Glu Thr Asn Leu Gln
180 185 190

His Arg Asp Gly Ser Asp Ala Ala Ile Arg Thr Leu Val Leu Asn Leu
195 200 205

Met Phe Ser Ile Asn Glu Gly Cys Leu Leu Leu Leu Ala Leu Ile Pro
210 215 220

Thr Leu Leu Val Gln Gly Ala His Asp Gly Tyr Val Asn Leu Leu Ile
225 230 235 240

Gln Thr Ala Asn Cys Val Arg Glu Thr Gly Gln Leu Ile Asn Ile Pro
245 250 255

Pro Met Pro Arg Ile Gln Asp Gly His Arg Arg Phe Pro Ile Tyr Glu
260 265 270

Thr Ile Ser Ser Trp Ile Ser Thr Ser Ser Arg Leu Gly Asp Thr Leu
275 280 285

Gly Thr Arg Ala Ile Leu Arg Val Cys Val Phe Asp Gly Pro Ser Thr
290 295 300

Val His Pro Gly Asp Arg Thr Ala Val Ile Gln Val

305

310

315

<210> 30

<211> 676

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 30

Met Glu Ala His Leu Ala Asn Glu Thr Lys His Ala Leu Trp His Asn
1 5 10 15

Asp His Thr Lys Gly Leu Leu His Val Val Ile Pro Asn Ala Gly Leu
20 25 30

Ile Ala Ala Gly Ile Asp Pro Ala Leu Leu Ile Leu Lys Lys Pro Gly
35 40 45

Gln Arg Phe Lys Val Glu Val Gln Thr Arg Tyr His Ala Thr Gly Gln
50 55 60

Cys Glu Pro Trp Cys Gln Val Phe Ala Ala Tyr Ile Pro Asp Asn Ala
65 70 75 80

Leu Thr Asn Leu Leu Ile Pro Lys Thr Glu Pro Phe Val Ser His Val
85 90 95

Phe Ser Ala Thr His Asn Ser Gly Gly Leu Ile Leu Ser Leu Pro Val
100 105 110

Tyr Leu Ser Pro Gly Leu Phe Phe Asp Ala Phe Asn Val Val Ala Ile
115 120 125

Arg Ile Asn Thr Gly Asn Arg Lys His Arg Asp Ile Cys Ile Met Tyr
130 135 140

Ala Glu Leu Ile Pro Asn Gly Thr Arg Tyr Phe Ala Asp Gly Gln Arg
145 150 155 160

Val Leu Leu Leu Cys Lys Gln Leu Ile Ala Tyr Ile Arg Cys Thr Pro
165 170 175

Arg Leu Ala Ser Ser Ile Lys Ile Tyr Ala Glu His Met Val Ala Ala
180 185 190

Met Gly Glu Ser His Thr Ser Asn Gly Asp Asn Ile Gly Pro Val Ser
195 200 205

Ser Ile Ile Asp Leu Asp Arg Gln Leu Thr Ser Gly Gly Ile Asp Asp
210 215 220

Ser Pro Ala Glu Thr Arg Ile Gln Glu Asn Asn Arg Asp Val Leu Glu
225 230 235 240

Leu Ile Lys Arg Ala Val Asn Ile Val Asn Ser Arg His Pro Val Arg
245 250 255

Pro Ser Ser Ser Arg Val Ala Ser Gly Leu Leu Gln Ser Ala Lys Gly
260 265 270

His Gly Ala Gln Thr Ser Asn Thr Asp Pro Ile Asn Asn Gly Ser Phe
275 280 285

Asp Gly Val Leu Glu Pro Pro Gly Gln Gly Arg Phe Thr Gly Lys Lys
290 295 300

Asn Asn Ser Ser Ala Ser Ile Pro Pro Leu Gln Asp Val Leu Leu Phe
305 310 315 320

Thr Pro Ala Ser Thr Glu Pro Gln Ser Leu Met Glu Trp Phe Asp Ile
325 330 335

Cys Tyr Ala Gln Leu Val Ser Gly Asp Thr Pro Ala Asp Phe Trp Lys
340 345 350

Arg Arg Pro Leu Ser Ile Val Pro Arg His Tyr Ala Glu Ser Pro Ser
355 360 365

Pro Leu Ile Val Val Ser Tyr Asn Gly Ser Ser Ala Trp Gly Gly Arg
370 375 380

Ile Thr Gly Ser Pro Ile Leu Tyr His Ser Ala Gln Ala Ile Ile Asp
385 390 395 400

Ala Ala Cys Ile Asn Ala Arg Val Asp Asn Pro Gln Ser Leu His Val
405 410 415

Thr Ala Arg Gln Glu Leu Val Ala Arg Leu Pro Phe Leu Ala Asn Val
420 425 430

Leu Asn Asn Gln Thr Pro Leu Pro Ala Phe Lys Pro Gly Ala Glu Met
435 440 445

Phe Leu Asn Gln Val Phe Lys Gln Ala Cys Val Thr Ser Leu Thr Gln
450 455 460

Gly Leu Ile Thr Glu Leu Gln Thr Asn Pro Thr Leu Gln Gln Leu Met
465 470 475 480

Glu Tyr Asp Ile Ala Asp Ser Ser Gln Thr Val Ile Asp Glu Ile Val
485 490 495

Ala Arg Thr Pro Asp Leu Ile Gln Thr Ile Val Ser Val Leu Thr Glu
500 505 510

Met Ser Met Asp Ala Phe Tyr Asn Ser Ser Leu Met Tyr Ala Val Leu
515 520 525

Ala Tyr Leu Ser Ser Val Tyr Thr Arg Pro Gln Gly Gly Gly Tyr Ile
530 535 540

Pro Tyr Leu His Ala Ser Phe Pro Cys Trp Leu Gly Asn Arg Ser Ile
545 550 555 560

Tyr Leu Phe Asp Tyr Tyr Asn Ser Gly Gly Glu Ile Leu Lys Leu Ser
565 570 575

Lys Val Pro Val Pro Val Ala Leu Glu Lys Val Gly Ile Gly Asn Ser
580 585 590

Thr Gln Leu Arg Gly Lys Phe Ile Arg Ser Ala Asp Ile Val Asp Ile
595 600 605

Gly Ile Cys Ser Lys Tyr Leu Pro Gly Gln Cys Tyr Ala Tyr Ile Cys
610 615 620

Leu Gly Phe Asn Gln Gln Leu Gln Ser Ile Leu Val Leu Pro Gly Gly
625 630 635 640

Phe Ala Ala Cys Phe Cys Ile Thr Asp Thr Leu Gln Ala Ala Leu Pro
645 650 655

Ala Ser Leu Ile Gly Pro Ile Leu Asp Arg Phe Cys Phe Ser Ile Pro
660 665 670

Asn Pro His Lys
675

<210> 31
<211> 363
<212> PRT
<213> Varicella zoster

<400> 31

Met Glu Leu Gln Arg Ile Phe Pro Leu Tyr Thr Ala Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Arg Lys Leu Thr Pro Glu Ala Val Gln Arg Leu Cys Asp Ala Leu Thr
20 25 30

Leu Asp Met Gly Leu Trp Lys Ser Ile Leu Thr Asp Pro Arg Val Lys
35 40 45

Ile Met Arg Ser Thr Ala Phe Ile Thr Leu Arg Ile Ala Pro Phe Ile
50 55 60

Pro Leu Gln Thr Asp Thr Thr Asn Ile Ala Val Val Val Ala Thr Ile
65 70 75 80

Tyr Ile Thr Arg Pro Arg Gln Met Asn Leu Pro Pro Lys Thr Phe His
85 90 95

Val Ile Val Asn Phe Asn Tyr Glu Val Ser Tyr Ala Met Thr Ala Thr
100 105 110

Leu Arg Ile Tyr Pro Val Glu Asn Ile Asp His Val Phe Gly Ala Thr
115 120 125

Phe Lys Asn Pro Ile Ala Tyr Pro Leu Pro Thr Ser Ile Pro Asp Pro
130 135 140

Arg Ala Asp Pro Thr Pro Ala Asp Leu Thr Pro Thr Pro Asn Leu Ser
145 150 155 160

Asn Tyr Leu Gln Pro Pro Arg Leu Pro Lys Asn Pro Tyr Ala Cys Lys
165 170 175

Val Ile Ser Pro Gly Val Trp Trp Ser Asp Glu Arg Arg Arg Leu Tyr
180 185 190

Val Leu Ala Met Glu Pro Asn Leu Ile Gly Leu Cys Pro Ala Gly Trp
195 200 205

His Ala Arg Ile Leu Gly Ser Val Leu Asn Arg Leu Leu Ser His Ala
210 215 220

Asp Gly Cys Asp Glu Cys Asn His Arg Val His Val Gly Ala Leu Tyr
225 230 235 240

Ala Leu Pro His Val Thr Asn His Ala Glu Gly Cys Val Cys Trp Ala

245

250

255

Pro Cys Met Trp Arg Lys Ala Gly Gln Arg Glu Leu Lys Val Glu Val
 260 265 270

Asp Ile Gly Ala Thr Gln Val Leu Phe Val Asp Val Thr Thr Cys Ile
 275 280 285

Arg Ile Thr Ser Thr Lys Asn Pro Arg Ile Thr Ala Asn Leu Gly Asp
 290 295 300

Val Ile Ala Gly Thr Asn Ala Ser Gly Leu Ser Val Pro Val Asn Ser
 305 310 315 320

Ser Gly Trp Gln Leu Tyr Met Phe Gly Glu Thr Leu Ser Arg Ala Ile
 325 330 335

Ile Asn Gly Cys Gly Leu Leu Gln Arg Ile Cys Phe Pro Glu Thr Gln
 340 345 350

Arg Leu Ser Gly Glu Pro Glu Pro Thr Thr Thr
 355 360

<210> 32

<211> 199

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 32

Met Ser Gly His Thr Pro Thr Tyr Ala Ser His Arg Arg Asn Arg Val
 1 5 10 15

Lys Leu Val Glu Ala His Asn Arg Ala Gly Leu Phe Lys Glu Arg Thr
 20 25 30

Leu Asp Leu Ile Arg Gly Gly Ala Ser Val Gln Asp Pro Ala Phe Val
 35 40 45

Tyr Ala Phe Thr Ala Ala Lys Glu Ala Cys Ala Asp Leu Asn Asn Gln
50 55 60

Leu Arg Ser Ala Ala Arg Ile Ala Ser Val Glu Gln Lys Ile Arg Asp
65 70 75 80

Ile Gln Ser Lys Val Glu Glu Gln Thr Ser Ile Gln Gln Ile Leu Asn
85 90 95

Thr Asn Arg Arg Tyr Ile Ala Pro Asp Phe Ile Arg Gly Leu Asp Lys
100 105 110

Thr Glu Asp Asp Asn Thr Asp Asn Ile Asp Arg Leu Glu Asp Ala Val
115 120 125

Gly Pro Asn Ile Glu His Glu Asn His Thr Trp Phe Gly Glu Asp Asp
130 135 140

Glu Ala Leu Leu Thr Gln Trp Met Leu Thr Thr His Pro Pro Thr Ser
145 150 155 160

Lys Tyr Leu Gln Leu Gln Asp Leu Cys Val Pro Thr Thr Ile Pro Thr
165 170 175

Asp Met Asn Gln Met Gln Pro Gln Pro Ile Ser Lys Asn Glu Asn Pro
180 185 190

Pro Thr Pro His Thr Asp Val
195

<210> 33
<211> 551
<212> PRT
<213> Varicella zoster

<400> 33

Met Ala Arg Ser Gly Leu Asp Arg Ile Asp Ile Ser Pro Gln Pro Ala
1 5 10 15

Lys Lys Ile Ala Arg Val Gly Gly Leu Gln His Pro Phe Val Lys Thr
 20 25 30

Asp Ile Asn Thr Ile Asn Val Glu His His Phe Ile Asp Thr Leu Gln
 35 40 45

Lys Thr Ser Pro Asn Met Asp Cys Arg Gly Met Thr Ala Gly Ile Phe
 50 55 60

Ile Arg Leu Ser His Met Tyr Lys Ile Leu Thr Thr Leu Glu Ser Pro
 65 70 75 80

Asn Asp Val Thr Tyr Thr Thr Pro Gly Ser Thr Asn Ala Leu Phe Phe
 85 90 95

Lys Thr Ser Thr Gln Pro Gln Glu Pro Arg Pro Glu Glu Leu Ala Ser
 100 105 110

Lys Leu Thr Gln Asp Asp Ile Lys Arg Ile Leu Leu Thr Ile Glu Ser
 115 120 125

Glu Thr Arg Gly Gln Gly Asp Asn Ala Ile Trp Thr Leu Leu Arg Arg
 130 135 140

Asn Leu Ile Thr Ala Ser Thr Leu Lys Trp Ser Val Ser Gly Pro Val
 145 150 155 160

Ile Pro Pro Gln Trp Phe Tyr His His Asn Thr Thr Asp Thr Tyr Gly
 165 170 175

Asp Ala Ala Ala Met Ala Phe Gly Lys Thr Asn Glu Pro Ala Ala Arg
 180 185 190

Ala Ile Val Glu Ala Leu Phe Ile Asp Pro Ala Asp Ile Arg Thr Pro
 195 200 205

Asp His Leu Thr Pro Glu Ala Thr Thr Lys Phe Phe Asn Phe Asp Met

210

215

220

Leu Asn Thr Lys Ser Pro Ser Leu Leu Val Gly Thr Pro Arg Ile Gly
225 230 235 240

Thr Tyr Glu Cys Gly Leu Leu Ile Asp Val Arg Thr Gly Leu Ile Gly
245 250 255

Ala Ser Leu Asp Val Leu Val Cys Asp Arg Asp Pro Leu Thr Gly Thr
260 265 270

Leu Asn Pro His Pro Ala Glu Thr Asp Ile Ser Phe Phe Glu Ile Lys
275 280 285

Cys Arg Ala Lys Tyr Leu Phe Asp Pro Asp Asp Lys Asn Asn Pro Leu
290 295 300

Gly Arg Thr Tyr Thr Thr Leu Ile Asn Arg Pro Thr Met Ala Asn Leu
305 310 315 320

Arg Asp Phe Leu Tyr Thr Ile Lys Asn Pro Cys Val Ser Phe Phe Gly
325 330 335

Pro Ser Ala Asn Pro Ser Thr Arg Glu Ala Leu Ile Thr Asp His Val
340 345 350

Glu Trp Lys Arg Leu Gly Phe Lys Gly Gly Arg Ala Leu Thr Glu Leu
355 360 365

Asp Ala His His Leu Gly Leu Asn Arg Thr Ile Ser Ser Arg Val Trp
370 375 380

Val Phe Asn Asp Pro Asp Ile Gln Lys Gly Thr Ile Thr Thr Ile Ala
385 390 395 400

Trp Ala Thr Gly Asp Thr Ala Leu Gln Ile Pro Val Phe Ala Asn Pro
405 410 415

Arg His Ala Asn Phe Lys Gln Ile Ala Val Gln Thr Tyr Val Leu Ser
 420 425 430

Gly Tyr Phe Pro Ala Leu Lys Leu Arg Pro Phe Leu Val Thr Phe Ile
 435 440 445

Gly Arg Val Arg Arg Pro His Glu Val Gly Val Pro Leu Arg Val Asp
 450 455 460

Thr Gln Ala Ala Ala Ile Tyr Glu Tyr Asn Trp Pro Thr Ile Pro Pro
 465 470 475 480

His Cys Ala Val Pro Val Ile Ala Val Leu Thr Pro Ile Glu Val Asp
 485 490 495

Val Pro Arg Val Thr Gln Ile Leu Lys Asp Thr Gly Asn Asn Ala Ile
 500 505 510

Thr Ser Ala Leu Arg Ser Leu Arg Trp Asp Asn Leu His Pro Ala Val
 515 520 525

Glu Glu Glu Ser Val Asp Cys Ala Asn Gly Thr Thr Ser Leu Leu Arg
 530 535 540

Ala Thr Glu Lys Pro Leu Leu
 545 550

<210> 34
 <211> 835
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 34

Met Ser Pro Asn Thr Gly Glu Ser Asn Ala Ala Val Tyr Ala Ser Ser
 1 5 10 15

Thr Gln Leu Ala Arg Ala Leu Tyr Gly Gly Asp Leu Val Ser Trp Ile
 20 25 30

Lys His Thr His Pro Gly Ile Ser Leu Glu Leu Gln Leu Asp Val Pro
35 40 45

Val Lys Leu Ile Lys Pro Gly Met Ser Gln Thr Arg Pro Val Thr Val
50 55 60

Val Arg Ala Pro Met Gly Ser Gly Lys Thr Thr Ala Leu Leu Glu Trp
65 70 75 80

Leu Gln His Ala Leu Lys Ala Asp Ile Ser Val Leu Val Val Ser Cys
85 90 95

Arg Arg Ser Phe Thr Gln Thr Leu Ile Gln Arg Phe Asn Asp Ala Gly
100 105 110

Leu Ser Gly Phe Val Thr Tyr Leu Thr Ser Glu Thr Tyr Ile Met Gly
115 120 125

Phe Lys Arg Leu Ile Val Gln Leu Glu Ser Leu His Arg Val Ser Ser
130 135 140

Glu Ala Ile Asp Ser Tyr Asp Val Leu Ile Leu Asp Glu Val Met Ser
145 150 155 160

Val Ile Gly Gln Leu Tyr Ser Pro Thr Met Arg Arg Leu Ser Ala Val
165 170 175

Asp Ser Leu Leu Tyr Arg Leu Leu Asn Arg Cys Ser Gln Ile Ile Ala
180 185 190

Met Asp Ala Thr Val Asn Ser Gln Phe Ile Asp Leu Ile Ser Gly Leu
195 200 205

Arg Gly Asp Glu Asn Ile His Thr Ile Val Cys Thr Tyr Ala Gly Val
210 215 220

Gly Phe Ser Gly Arg Thr Cys Thr Ile Leu Arg Asp Met Gly Ile Asp
225 230 235 240

Thr Leu Val Arg Val Ile Lys Arg Ser Pro Glu His Glu Asp Val Arg
245 250 255

Thr Ile His Gln Leu Arg Gly Thr Phe Phe Asp Glu Leu Ala Leu Arg
260 265 270

Leu Gln Cys Gly His Asn Ile Cys Ile Phe Ser Ser Thr Leu Ser Phe
275 280 285

Ser Glu Leu Val Ala Gln Phe Cys Ala Ile Phe Thr Asp Ser Ile Leu
290 295 300

Ile Leu Asn Ser Thr Arg Pro Leu Cys Asn Val Asn Glu Trp Lys His
305 310 315 320

Phe Arg Val Leu Val Tyr Thr Thr Val Val Thr Val Gly Leu Ser Phe
325 330 335

Asp Met Ala His Phe His Ser Met Phe Ala Tyr Ile Lys Pro Met Ser
340 345 350

Tyr Gly Pro Asp Met Val Ser Val Tyr Gln Ser Leu Gly Arg Val Arg
355 360 365

Leu Leu Leu Leu Asn Glu Val Leu Met Tyr Val Asp Gly Ser Arg Thr
370 375 380

Arg Cys Gly Pro Leu Phe Ser Pro Met Leu Leu Asn Phe Thr Ile Ala
385 390 395 400

Asn Lys Phe Gln Trp Phe Pro Thr His Thr Gln Ile Thr Asn Lys Leu
405 410 415

Cys Cys Ala Phe Arg Gln Arg Cys Ala Asn Ala Phe Thr Arg Ser Asn
420 425 430

Thr His Leu Phe Ser Arg Phe Lys Tyr Lys His Leu Phe Glu Arg Cys
435 440 445

Ser Leu Trp Ser Leu Ala Asp Ser Ile Asn Ile Leu Gln Thr Leu Leu
450 455 460

Ala Ser Asn Gln Ile Leu Val Val Leu Asp Gly Met Gly Pro Ile Thr
465 470 475 480

Asp Val Ser Pro Val Gln Phe Cys Ala Phe Ile His Asp Leu Arg His
485 490 495

Ser Ala Asn Ala Val Ala Ser Cys Met Arg Ser Leu Arg Gln Asp Asn
500 505 510

Asp Ser Cys Leu Thr Asp Phe Gly Pro Ser Gly Phe Met Ala Asp Asn
515 520 525

Ile Thr Ala Phe Met Glu Lys Tyr Leu Met Glu Ser Ile Asn Thr Glu
530 535 540

Glu Gln Ile Lys Val Phe Lys Ala Leu Ala Cys Pro Ile Glu Gln Pro
545 550 555 560

Arg Leu Val Asn Thr Ala Ile Leu Gly Ala Cys Ile Arg Ile Pro Glu
565 570 575

Ala Leu Glu Ala Phe Asp Val Phe Gln Lys Ile Tyr Thr His Tyr Ala
580 585 590

Ser Gly Trp Phe Pro Val Leu Asp Lys Thr Gly Glu Phe Ser Ile Ala
595 600 605

Thr Ile Thr Thr Ala Pro Asn Leu Thr Thr His Trp Glu Leu Phe Arg
610 615 620

Arg Cys Ala Tyr Ile Ala Lys Thr Leu Lys Trp Asn Pro Ser Thr Glu
625 630 635 640

Gly Cys Val Thr Gln Val Leu Asp Thr Asp Ile Asn Thr Leu Phe Asn
645 650 655

Gln His Gly Asp Ser Leu Ala Gln Leu Ile Phe Glu Val Met Arg Cys
660 665 670

Asn Val Thr Asp Ala Lys Ile Ile Leu Asn Arg Pro Val Trp Arg Thr
675 680 685

Thr Gly Phe Leu Asp Gly Cys His Asn Gln Cys Phe Arg Pro Ile Pro
690 695 700

Thr Lys His Glu Tyr Asn Ile Ala Leu Phe Arg Leu Ile Trp Glu Gln
705 710 715 720

Leu Phe Gly Ala Arg Val Thr Lys Ser Thr Gln Thr Phe Pro Gly Ser
725 730 735

Thr Arg Val Lys Asn Leu Lys Lys Lys Asp Leu Glu Thr Leu Leu Asp
740 745 750

Ser Ile Asn Val Asp Arg Ser Ala Cys Arg Thr Tyr Arg Gln Leu Tyr
755 760 765

Asn Leu Leu Met Ser Gln Arg His Ser Phe Ser Gln Gln Arg Tyr Lys
770 775 780

Ile Thr Ala Pro Ala Trp Ala Arg His Val Tyr Phe Gln Ala His Gln
785 790 795 800

Met His Leu Ala Pro His Ala Glu Ala Met Leu Gln Leu Ala Leu Ser
805 810 815

Glu Leu Ser Pro Gly Ser Trp Pro Arg Ile Asn Gly Ala Val Asn Phe
820 825 830

Glu Ser Leu
835

<210> 35
<211> 771
<212> PRT
<213> Varicella zoster

<400> 35

Met Asp Ala Thr Gln Ile Thr Leu Val Arg Glu Ser Gly His Ile Cys
1 5 10 15

Ala Ala Ser Ile Tyr Thr Ser Trp Thr Gln Ser Gly Gln Leu Thr Gln
20 25 30

Asn Gly Leu Ser Val Leu Tyr Tyr Leu Leu Cys Lys Asn Ser Cys Gly
35 40 45

Lys Tyr Val Pro Lys Phe Ala Glu Ile Thr Val Gln Gln Glu Asp Leu
50 55 60

Cys Arg Tyr Ser Arg His Gly Gly Ser Val Ser Ala Ala Thr Phe Ala
65 70 75 80

Ser Ile Cys Arg Ala Ala Ser Ser Ala Ala Leu Asp Ala Trp Pro Leu
85 90 95

Glu Pro Leu Gly Asn Ala Asp Thr Trp Arg Cys Leu His Gly Thr Ala
100 105 110

Leu Ala Thr Leu Arg Arg Val Leu Gly Phe Lys Ser Phe Tyr Ser Pro
115 120 125

Val Thr Phe Glu Thr Asp Thr Asn Thr Gly Leu Leu Leu Lys Thr Ile
130 135 140

Pro Asp Glu His Ala Leu Asn Asn Asp Asn Thr Pro Ser Thr Gly Val

145

150

155

160

Leu Arg Ala Asn Phe Pro Val Ala Ile Asp Val Ser Ala Val Ser Ala
165 170 175

Cys Asn Ala His Thr Gln Gly Thr Ser Leu Ala Tyr Ala Arg Leu Thr
180 185 190

Ala Leu Lys Ser Asn Gly Asp Thr Gln Gln Gln Thr Pro Leu Asp Val
195 200 205

Glu Val Ile Thr Pro Lys Ala Tyr Ile Arg Arg Lys Tyr Lys Ser Thr
210 215 220

Phe Ser Pro Pro Ile Glu Arg Glu Gly Gln Thr Ser Asp Leu Phe Asn
225 230 235 240

Leu Glu Glu Arg Arg Leu Val Leu Ser Gly Asn Arg Ala Ile Val Val
245 250 255

Arg Val Leu Leu Pro Cys Tyr Phe Asp Cys Leu Thr Thr Asp Ser Thr
260 265 270

Val Thr Ser Ser Leu Ser Ile Leu Ala Thr Tyr Arg Leu Trp Tyr Ala
275 280 285

Ala Ala Phe Gly Lys Pro Gly Val Val Arg Pro Ile Phe Ala Tyr Leu
290 295 300

Gly Pro Glu Leu Asn Pro Lys Gly Glu Asp Arg Asp Tyr Phe Cys Thr
305 310 315 320

Val Gly Phe Pro Gly Trp Thr Thr Leu Arg Thr Gln Thr Pro Ala Val
325 330 335

Glu Ser Ile Arg Thr Ala Thr Glu Met Tyr Met Glu Thr Asp Gly Leu
340 345 350

Trp Pro Val Thr Gly Ile Gln Ala Phe His Tyr Leu Ala Pro Trp Gly
 355 360 365

Gln His Pro Pro Leu Pro Pro Arg Val Gln Asp Leu Ile Gly Gln Ile
 370 375 380

Pro Gln Asp Thr Gly His Ala Asp Ala Thr Val Asn Trp Asp Ala Gly
 385 390 395 400

Arg Ile Ser Thr Val Phe Lys Gln Pro Val Gln Leu Gln Asp Arg Trp
 405 410 415

Met Ala Lys Phe Asp Phe Ser Ala Phe Phe Pro Thr Ile Tyr Cys Ala
 420 425 430

Met Phe Pro Met His Phe Arg Leu Gly Lys Ile Val Leu Ala Arg Met
 435 440 445

Arg Arg Gly Met Gly Cys Leu Lys Pro Ala Leu Val Ser Phe Phe Gly
 450 455 460

Gly Leu Arg His Ile Leu Pro Ser Ile Tyr Lys Ala Ile Ile Phe Ile
 465 470 475 480

Ala Asn Glu Ile Ser Leu Cys Val Glu Gln Thr Ala Leu Glu Gln Gly
 485 490 495

Phe Ala Ile Cys Thr Tyr Ile Lys Asp Gly Phe Trp Gly Ile Phe Thr
 500 505 510

Asp Leu His Thr Arg Asn Val Cys Ser Asp Gln Ala Arg Cys Ser Ala
 515 520 525

Leu Asn Leu Ala Ala Thr Cys Glu Arg Ala Val Thr Gly Leu Leu Arg
 530 535 540

Ile Gln Leu Gly Leu Asn Phe Thr Pro Ala Met Glu Pro Val Leu Arg

出証特 2 0 0 5 - 3 0 3 5 3 8 5

Ser Pro Ser Leu Lys Phe Thr Asp Asp Pro Leu Ala Ser Tyr Asn Phe
 755 760 765

Leu Phe Leu
 770

<210> 36
 <211> 881
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 36

Met Lys Arg Ser Ile Ser Val Asp Ser Ser Ser Pro Lys Asn Val Phe
 1 5 10 15

Asn Pro Glu Thr Pro Asn Gly Phe Asp Asp Ser Val Tyr Leu Asn Phe
 20 25 30

Thr Ser Met His Ser Ile Gln Pro Ile Leu Ser Arg Ile Arg Glu Leu
 35 40 45

Ala Ala Ile Thr Ile Pro Lys Glu Arg Val Pro Arg Leu Cys Trp Phe
 50 55 60

Lys Gln Leu Leu Glu Leu Gln Ala Pro Pro Glu Met Gln Arg Asn Glu
 65 70 75 80

Leu Pro Phe Ser Val Tyr Leu Ile Ser Gly Asn Ala Gly Ser Gly Lys
 85 90 95

Ser Thr Cys Ile Gln Thr Leu Asn Glu Ala Ile Asp Cys Ile Ile Thr
 100 105 110

Gly Ser Thr Arg Val Ala Ala Gln Asn Val His Ala Lys Leu Ser Thr
 115 120 125

Ala Tyr Ala Ser Arg Pro Ile Asn Thr Ile Phe His Glu Phe Gly Phe
 130 135 140

Arg Gly Asn His Ile Gln Ala Gln Leu Gly Arg Tyr Ala Tyr Asn Trp
145 150 155 160

Thr Thr Thr Pro Pro Ser Ile Glu Asp Leu Gln Lys Arg Asp Ile Val
165 170 175

Tyr Tyr Trp Glu Val Leu Ile Asp Ile Thr Lys Arg Val Phe Gln Met
180 185 190

Gly Asp Asp Gly Arg Gly Gly Thr Ser Thr Phe Lys Thr Leu Trp Ala
195 200 205

Ile Glu Arg Leu Leu Asn Lys Pro Thr Gly Ser Met Ser Gly Thr Ala
210 215 220

Phe Ile Ala Cys Gly Ser Leu Pro Ala Phe Thr Arg Ser Asn Val Ile
225 230 235 240

Val Ile Asp Glu Ala Gly Leu Leu Gly Arg His Ile Leu Thr Ala Val
245 250 255

Val Tyr Cys Trp Trp Leu Leu Asn Ala Ile Tyr Gln Ser Pro Gln Tyr
260 265 270

Ile Asn Gly Arg Lys Pro Val Ile Val Cys Val Gly Ser Pro Thr Gln
275 280 285

Thr Asp Ser Leu Glu Ser His Phe Gln His Asp Met Gln Arg Ser His
290 295 300

Val Thr Pro Ser Glu Asn Ile Leu Thr Tyr Ile Ile Cys Asn Gln Thr
305 310 315 320

Leu Arg Gln Tyr Thr Asn Ile Ser His Asn Trp Ala Ile Phe Ile Asn
325 330 335

Asn Lys Arg Cys Gln Glu Asp Asp Phe Gly Asn Leu Leu Lys Thr Leu
340 345 350

Glu Tyr Gly Leu Pro Ile Thr Glu Ala His Ala Arg Leu Val Asp Thr
355 360 365

Phe Val Val Pro Ala Ser Tyr Ile Asn Asn Pro Ala Asn Leu Pro Gly
370 375 380

Trp Thr Arg Leu Tyr Ser Ser His Lys Glu Val Ser Ala Tyr Met Ser
385 390 395 400

Lys Leu His Ala His Leu Lys Leu Ser Lys Asn Asp His Phe Ser Val
405 410 415

Phe Ala Leu Pro Thr Tyr Thr Phe Ile Arg Leu Thr Ala Phe Asp Glu
420 425 430

Tyr Arg Lys Leu Thr Gly Gln Pro Gly Leu Ser Val Glu His Trp Ile
435 440 445

Arg Ala Asn Ser Gly Arg Leu His Asn Tyr Ser Gln Ser Arg Asp His
450 455 460

Asp Met Gly Thr Val Lys Tyr Glu Thr His Ser Asn Arg Asp Leu Ile
465 470 475 480

Val Ala Arg Thr Asp Ile Thr Tyr Val Leu Asn Ser Leu Val Val Val
485 490 495

Thr Thr Arg Leu Arg Lys Leu Val Ile Gly Phe Ser Gly Thr Phe Gln
500 505 510

Ser Phe Ala Lys Val Leu Arg Asp Asp Ser Phe Val Lys Ala Arg Gly
515 520 525

Glu Thr Ser Ile Glu Tyr Ala Tyr Arg Phe Leu Ser Asn Leu Ile Phe
530 535 540

Gly Gly Leu Ile Asn Phe Tyr Asn Phe Leu Leu Asn Lys Asn Leu His
545 550 555 560

Pro Asp Lys Val Ser Leu Ala Tyr Lys Arg Leu Ala Ala Leu Thr Leu
565 570 575

Glu Leu Leu Ser Gly Thr Asn Lys Ala Pro Leu His Glu Ala Ala Val
580 585 590

Asn Gly Ala Gly Ala Gly Ile Asp Cys Asp Gly Ala Ala Thr Ser Ala
595 600 605

Asp Lys Ala Phe Cys Phe Thr Lys Ala Pro Glu Ser Lys Val Thr Ala
610 615 620

Ser Ile Pro Glu Asp Pro Asp Asp Val Ile Phe Thr Ala Leu Asn Asp
625 630 635 640

Glu Val Ile Asp Leu Val Tyr Cys Gln Tyr Glu Phe Ser Tyr Pro Lys
645 650 655

Ser Ser Asn Glu Val His Ala Gln Phe Leu Leu Met Lys Ala Ile Tyr
660 665 670

Asp Gly Arg Tyr Ala Ile Leu Ala Glu Leu Phe Glu Ser Ser Phe Thr
675 680 685

Thr Ala Pro Phe Ser Ala Tyr Val Asp Asn Val Asn Phe Asn Gly Ser
690 695 700

Glu Leu Leu Ile Gly Asn Val Arg Gly Gly Leu Leu Ser Leu Ala Leu
705 710 715 720

Gln Thr Asp Thr Tyr Thr Leu Leu Gly Tyr Thr Phe Ala Pro Val Pro
725 730 735

Val Phe Val Glu Glu Leu Thr Arg Lys Lys Leu Tyr Arg Glu Thr Thr
740 745 750

Glu Met Leu Tyr Ala Leu His Val Pro Leu Met Val Leu Gln Asp Gln
755 760 765

His Gly Phe Val Ser Ile Val Asn Ala Asn Val Cys Glu Phe Thr Glu
770 775 780

Ser Ile Glu Asp Ala Glu Leu Ala Met Ala Thr Thr Val Asp Tyr Gly
785 790 795 800

Leu Ser Ser Lys Leu Ala Met Thr Ile Ala Arg Ser Gln Gly Leu Ser
805 810 815

Leu Glu Lys Val Ala Ile Cys Phe Thr Ala Asp Lys Leu Arg Leu Asn
820 825 830

Ser Val Tyr Val Ala Met Ser Arg Thr Val Ser Ser Arg Phe Leu Lys
835 840 845

Met Asn Leu Asn Pro Leu Arg Glu Arg Tyr Glu Lys Ser Ala Glu Ile
850 855 860

Ser Asp His Ile Leu Ala Ala Leu Arg Asp Pro Asn Val His Val Val
865 870 875 880

Tyr

<210> 37
<211> 278
<212> PRT
<213> Varicella zoster

<400> 37

Met Phe Cys Thr Ser Pro Ala Thr Arg Gly Asp Ser Ser Glu Ser Lys
1 5 10 15

Pro Gly Ala Ser Val Asp Val Asn Gly Lys Met Glu Tyr Gly Ser Ala
20 25 30

Pro Gly Pro Leu Asn Gly Arg Asp Thr Ser Arg Gly Pro Gly Ala Phe
35 40 45

Cys Thr Pro Gly Trp Glu Ile His Pro Ala Arg Leu Val Glu Asp Ile
50 55 60

Asn Arg Val Phe Leu Cys Ile Ala Gln Ser Ser Gly Arg Val Thr Arg
65 70 75 80

Asp Ser Arg Arg Leu Arg Arg Ile Cys Leu Asp Phe Tyr Leu Met Gly
85 90 95

Arg Thr Arg Gln Arg Pro Thr Leu Ala Cys Trp Glu Glu Leu Leu Gln
100 105 110

Leu Gln Pro Thr Gln Thr Gln Cys Leu Arg Ala Thr Leu Met Glu Val
115 120 125

Ser His Arg Pro Pro Arg Gly Glu Asp Gly Phe Ile Glu Ala Pro Asn
130 135 140

Val Pro Leu His Arg Ser Ala Leu Glu Cys Asp Val Ser Asp Asp Gly
145 150 155 160

Gly Glu Asp Asp Ser Asp Asp Asp Gly Ser Thr Pro Ser Asp Val Ile
165 170 175

Glu Phe Arg Asp Ser Asp Ala Glu Ser Ser Asp Gly Glu Asp Phe Ile
180 185 190

Val Glu Glu Glu Ser Glu Glu Ser Thr Asp Ser Cys Glu Pro Asp Gly
195 200 205

Val Pro Gly Asp Cys Tyr Arg Asp Gly Asp Gly Cys Asn Thr Pro Ser

210

215

220

Pro Lys Arg Pro Gln Arg Ala Ile Glu Arg Tyr Ala Gly Ala Glu Thr
225 230 235 240

Ala Glu Tyr Thr Ala Ala Lys Ala Leu Thr Ala Leu Gly Glu Gly Gly
245 250 255

Val Asp Trp Lys Arg Arg Arg His Glu Ala Pro Arg Arg His Asp Ile
260 265 270

Pro Pro Pro His Gly Val
275

<210> 38
<211> 180
<212> PRT
<213> Varicella zoster

<400> 38

Met Asn Leu Cys Gly Ser Arg Gly Glu His Pro Gly Gly Glu Tyr Ala
1 5 10 15

Gly Leu Tyr Cys Thr Arg His Asp Thr Pro Ala His Gln Ala Leu Met
20 25 30

Asn Asp Ala Glu Arg Tyr Phe Ala Ala Ala Leu Cys Ala Ile Ser Thr
35 40 45

Glu Ala Tyr Glu Ala Phe Ile His Ser Pro Ser Glu Arg Pro Cys Ala
50 55 60

Ser Leu Trp Gly Arg Ala Lys Asp Ala Phe Gly Arg Met Cys Gly Glu
65 70 75 80

Leu Ala Ala Asp Arg Gln Arg Pro Pro Ser Val Pro Pro Ile Arg Arg
85 90 95

Ala Val Leu Ser Leu Leu Arg Glu Gln Cys Met Pro Asp Pro Gln Ser
100 105 110

His Leu Glu Leu Ser Glu Arg Leu Ile Leu Met Ala Tyr Trp Cys Cys
115 120 125

Leu Gly His Ala Gly Leu Pro Thr Ile Gly Leu Ser Pro Asp Asn Lys
130 135 140

Cys Ile Arg Ala Glu Leu Tyr Asp Arg Pro Gly Gly Ile Cys His Arg
145 150 155 160

Leu Phe Asp Ala Tyr Leu Gly Cys Gly Ser Leu Gly Val Pro Arg Thr
165 170 175

Tyr Glu Arg Ser
180

<210> 39

<211> 393

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 39

Met Asn Asp Val Asp Ala Thr Asp Thr Phe Val Gly Gln Gly Lys Phe
1 5 10 15

Arg Gly Ala Ile Ser Thr Ser Pro Ser His Ile Met Gln Thr Cys Gly
20 25 30

Phe Ile Gln Gln Met Phe Pro Val Glu Met Ser Pro Gly Ile Glu Ser
35 40 45

Glu Asp Asp Pro Asn Tyr Asp Val Asn Met Asp Ile Gln Ser Phe Asn
50 55 60

Ile Phe Asp Gly Val His Glu Thr Glu Ala Glu Ala Ser Val Ala Leu
65 70 75 80

Cys Ala Glu Ala Arg Val Gly Ile Asn Lys Ala Gly Phe Val Ile Leu
 85 90 95

Lys Thr Phe Thr Pro Gly Ala Glu Gly Phe Ala Phe Ala Cys Met Asp
 100 105 110

Ser Lys Thr Cys Glu His Val Val Ile Lys Ala Gly Gln Arg Gln Gly
 115 120 125

Thr Ala Thr Glu Ala Thr Val Leu Arg Ala Leu Thr His Pro Ser Val
 130 135 140

Val Gln Leu Lys Gly Thr Phe Thr Tyr Asn Lys Met Thr Cys Leu Ile
 145 150 155 160

Leu Pro Arg Tyr Arg Thr Asp Leu Tyr Cys Tyr Leu Ala Ala Lys Arg
 165 170 175

Asn Leu Pro Ile Cys Asp Ile Leu Ala Ile Gln Arg Ser Val Leu Arg
 180 185 190

Ala Leu Gln Tyr Leu His Asn Asn Ser Ile Ile His Arg Asp Ile Lys
 195 200 205

Ser Glu Asn Ile Phe Ile Asn His Pro Gly Asp Val Cys Val Gly Asp
 210 215 220

Phe Gly Ala Ala Cys Phe Pro Val Asp Ile Asn Ala Asn Arg Tyr Tyr
 225 230 235 240

Gly Trp Ala Gly Thr Ile Ala Thr Asn Ser Pro Glu Leu Leu Ala Arg
 245 250 255

Asp Pro Tyr Gly Pro Ala Val Asp Ile Trp Ser Ala Gly Ile Val Leu
 260 265 270

Phe Glu Met Ala Thr Gly Gln Asn Ser Leu Phe Glu Arg Asp Gly Leu

275

280

285

Asp Gly Asn Cys Asp Ser Glu Arg Gln Ile Lys Leu Ile Ile Arg Arg
 290 295 300

Ser Gly Thr His Pro Asn Glu Phe Pro Ile Asn Pro Thr Ser Asn Leu
 305 310 315 320

Arg Arg Gln Tyr Ile Gly Leu Ala Lys Arg Ser Ser Arg Lys Pro Gly
 325 330 335

Ser Arg Pro Leu Trp Thr Asn Leu Tyr Glu Leu Pro Ile Asp Leu Glu
 340 345 350

Tyr Leu Ile Cys Lys Met Leu Ser Phe Asp Ala Arg His Arg Pro Ser
 355 360 365

Ala Glu Val Leu Leu Asn His Ser Val Phe Gln Thr Leu Pro Asp Pro
 370 375 380

Tyr Pro Asn Pro Met Glu Val Gly Asp
 385 390

<210> 40

<211> 354

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 40

Met Phe Leu Ile Gln Cys Leu Ile Ser Ala Val Ile Phe Tyr Ile Gln
 1 5 10 15

Val Thr Asn Ala Leu Ile Phe Lys Gly Asp His Val Ser Leu Gln Val
 20 25 30

Asn Ser Ser Leu Thr Ser Ile Leu Ile Pro Met Gln Asn Asp Asn Tyr
 35 40 45

Thr Glu Ile Lys Gly Gln Leu Val Phe Ile Gly Glu Gln Leu Pro Thr
 50 55 60

Gly Thr Asn Tyr Ser Gly Thr Leu Glu Leu Leu Tyr Ala Asp Thr Val
 65 70 75 80

Ala Phe Cys Phe Arg Ser Val Gln Val Ile Arg Tyr Asp Gly Cys Pro
 85 90 95

Arg Ile Arg Thr Ser Ala Phe Ile Ser Cys Arg Tyr Lys His Ser Trp
 100 105 110

His Tyr Gly Asn Ser Thr Asp Arg Ile Ser Thr Glu Pro Asp Ala Gly
 115 120 125

Val Met Leu Lys Ile Thr Lys Pro Gly Ile Asn Asp Ala Gly Val Tyr
 130 135 140

Val Leu Leu Val Arg Leu Asp His Ser Arg Ser Thr Asp Gly Phe Ile
 145 150 155 160

Leu Gly Val Asn Val Tyr Thr Ala Gly Ser His His Asn Ile His Gly
 165 170 175

Val Ile Tyr Thr Ser Pro Ser Leu Gln Asn Gly Tyr Ser Thr Arg Ala
 180 185 190

Leu Phe Gln Gln Ala Arg Leu Cys Asp Leu Pro Ala Thr Pro Lys Gly
 195 200 205

Ser Gly Thr Ser Leu Phe Gln His Met Leu Asp Leu Arg Ala Gly Lys
 210 215 220

Ser Leu Glu Asp Asn Pro Trp Leu His Glu Asp Val Val Thr Thr Glu
 225 230 235 240

Thr Lys Ser Val Val Lys Glu Gly Ile Glu Asn His Val Tyr Pro Thr
 245 250 255

Asp Met Ser Thr Leu Pro Glu Lys Ser Leu Asn Asp Pro Pro Glu Asn
260 265 270

Leu Leu Ile Ile Ile Pro Ile Val Ala Ser Val Met Ile Leu Thr Ala
275 280 285

Met Val Ile Val Ile Val Ile Ser Val Lys Arg Arg Arg Ile Lys Lys
290 295 300

His Pro Ile Tyr Arg Pro Asn Thr Lys Thr Arg Arg Gly Ile Gln Asn
305 310 315 320

Ala Thr Pro Glu Ser Asp Val Met Leu Glu Ala Ala Ile Ala Gln Leu
325 330 335

Ala Thr Ile Arg Glu Glu Ser Pro Pro His Ser Val Val Asn Pro Phe
340 345 350

Val Lys

<210> 41
<211> 623
<212> PRT
<213> Varicella zoster

<400> 41

Met Gly Thr Val Asn Lys Pro Val Val Gly Val Leu Met Gly Phe Gly
1 5 10 15

Ile Ile Thr Gly Thr Leu Arg Ile Thr Asn Pro Val Arg Ala Ser Val
20 25 30

Leu Arg Tyr Asp Asp Phe His Thr Asp Glu Asp Lys Leu Asp Thr Asn
35 40 45

Ser Val Tyr Glu Pro Tyr Tyr His Ser Asp His Ala Glu Ser Ser Trp

50

55

60

Val Asn Arg Gly Glu Ser Ser Arg Lys Ala Tyr Asp His Asn Ser Pro
 65 70 75 80

Tyr Ile Trp Pro Arg Asn Asp Tyr Asp Gly Phe Leu Glu Asn Ala His
 85 90 95

Glu His His Gly Val Tyr Asn Gln Gly Arg Gly Ile Asp Ser Gly Glu
 100 105 110

Arg Leu Met Gln Pro Thr Gln Met Ser Ala Gln Glu Asp Leu Gly Asp
 115 120 125

Asp Thr Gly Ile His Val Ile Pro Thr Leu Asn Gly Asp Asp Arg His
 130 135 140

Lys Ile Val Asn Val Asp Gln Arg Gln Tyr Gly Asp Val Phe Lys Gly
 145 150 155 160

Asp Leu Asn Pro Lys Pro Gln Gly Gln Arg Leu Ile Glu Val Ser Val
 165 170 175

Glu Glu Asn His Pro Phe Thr Leu Arg Ala Pro Ile Gln Arg Ile Tyr
 180 185 190

Gly Val Arg Tyr Thr Glu Thr Trp Ser Phe Leu Pro Ser Leu Thr Cys
 195 200 205

Thr Gly Asp Ala Ala Pro Ala Ile Gln His Ile Cys Leu Lys His Thr
 210 215 220

Thr Cys Phe Gln Asp Val Val Val Asp Val Asp Cys Ala Glu Asn Thr
 225 230 235 240

Lys Glu Asp Gln Leu Ala Glu Ile Ser Tyr Arg Phe Gln Gly Lys Lys
 245 250 255

Glu Ala Asp Gln Pro Trp Ile Val Val Asn Thr Ser Thr Leu Phe Asp
260 265 270

Glu Leu Glu Leu Asp Pro Pro Glu Ile Glu Pro Gly Val Leu Lys Val
275 280 285

Leu Arg Thr Glu Lys Gln Tyr Leu Gly Val Tyr Ile Trp Asn Met Arg
290 295 300

Gly Ser Asp Gly Thr Ser Thr Tyr Ala Thr Phe Leu Val Thr Trp Lys
305 310 315 320

Gly Asp Glu Lys Thr Arg Asn Pro Thr Pro Ala Val Thr Pro Gln Pro
325 330 335

Arg Gly Ala Glu Phe His Met Trp Asn Tyr His Ser His Val Phe Ser
340 345 350

Val Gly Asp Thr Phe Ser Leu Ala Met His Leu Gln Tyr Lys Ile His
355 360 365

Glu Ala Pro Phe Asp Leu Leu Leu Glu Trp Leu Tyr Val Pro Ile Asp
370 375 380

Pro Thr Cys Gln Pro Met Arg Leu Tyr Ser Thr Cys Leu Tyr His Pro
385 390 395 400

Asn Ala Pro Gln Cys Leu Ser His Met Asn Ser Gly Cys Thr Phe Thr
405 410 415

Ser Pro His Leu Ala Gln Arg Val Ala Ser Thr Val Tyr Gln Asn Cys
420 425 430

Glu His Ala Asp Asn Tyr Thr Ala Tyr Cys Leu Gly Ile Ser His Met
435 440 445

Glu Pro Ser Phe Gly Leu Ile Leu His Asp Gly Gly Thr Thr Leu Lys

450

455

460

Phe Val Asp Thr Pro Glu Ser Leu Ser Gly Leu Tyr Val Phe Val Val
 465 470 475 480

Tyr Phe Asn Gly His Val Glu Ala Val Ala Tyr Thr Val Val Ser Thr
 485 490 495

Val Asp His Phe Val Asn Ala Ile Glu Glu Arg Gly Phe Pro Pro Thr
 500 505 510

Ala Gly Gln Pro Pro Ala Thr Thr Lys Pro Lys Glu Ile Thr Pro Val
 515 520 525

Asn Pro Gly Thr Ser Pro Leu Leu Arg Tyr Ala Ala Trp Thr Gly Gly
 530 535 540

Leu Ala Ala Val Val Leu Leu Cys Leu Val Ile Phe Leu Ile Cys Thr
 545 550 555 560

Ala Lys Arg Met Arg Val Lys Ala Tyr Arg Val Asp Lys Ser Pro Tyr
 565 570 575

Asn Gln Ser Met Tyr Tyr Ala Gly Leu Pro Val Asp Asp Phe Glu Asp
 580 585 590

Ser Glu Ser Thr Asp Thr Glu Glu Glu Phe Gly Asn Ala Ile Gly Gly
 595 600 605

Ser His Gly Gly Ser Ser Tyr Thr Val Tyr Ile Asp Lys Thr Arg
 610 615 620

<210> 42

<211> 1310

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 42

Met Asp Thr Pro Pro Met Gln Arg Ser Thr Pro Gln Arg Ala Gly Ser
1 5 10 15

Pro Asp Thr Leu Glu Leu Met Asp Leu Leu Asp Ala Ala Ala Ala Ala
20 25 30

Ala Glu His Arg Ala Arg Val Val Thr Ser Ser Gln Pro Asp Asp Leu
35 40 45

Leu Phe Gly Glu Asn Gly Val Met Val Gly Arg Glu His Glu Ile Val
50 55 60

Ser Ile Pro Ser Val Ser Gly Leu Gln Pro Glu Pro Arg Thr Glu Asp
65 70 75 80

Val Gly Glu Glu Leu Thr Gln Asp Asp Tyr Val Cys Glu Asp Gly Gln
85 90 95

Asp Leu Met Gly Ser Pro Val Ile Pro Leu Ala Glu Val Phe His Thr
100 105 110

Arg Phe Ser Glu Ala Gly Ala Arg Glu Pro Thr Gly Ala Asp Arg Ser
115 120 125

Leu Glu Thr Val Ser Leu Gly Thr Lys Leu Ala Arg Ser Pro Lys Pro
130 135 140

Pro Met Asn Asp Gly Glu Thr Gly Arg Gly Thr Thr Pro Pro Phe Pro
145 150 155 160

Gln Ala Phe Ser Pro Val Ser Pro Ala Ser Pro Val Gly Asp Ala Ala
165 170 175

Gly Asn Asp Gln Arg Glu Asp Gln Arg Ser Ile Pro Arg Gln Thr Thr
180 185 190

Arg Gly Asn Ser Pro Gly Leu Pro Ser Val Val His Arg Asp Arg Gln
195 200 205

Thr Gln Ser Ile Ser Gly Lys Lys Pro Gly Asp Glu Gln Ala Gly His
210 215 220

Ala His Ala Ser Gly Asp Gly Val Val Leu Gln Lys Thr Gln Arg Pro
225 230 235 240

Ala Gln Gly Lys Ser Pro Lys Lys Lys Thr Leu Lys Val Lys Val Pro
245 250 255

Leu Pro Ala Arg Lys Pro Gly Gly Pro Val Pro Gly Pro Val Glu Gln
260 265 270

Leu Tyr His Val Leu Ser Asp Ser Val Pro Ala Lys Gly Ala Lys Ala
275 280 285

Asp Leu Pro Phe Glu Thr Asp Asp Thr Arg Pro Arg Lys His Asp Ala
290 295 300

Arg Gly Ile Thr Pro Arg Val Pro Gly Arg Ser Ser Gly Gly Lys Pro
305 310 315 320

Arg Ala Phe Leu Ala Leu Pro Gly Arg Ser His Ala Pro Asp Pro Ile
325 330 335

Glu Asp Asp Ser Pro Val Glu Lys Lys Pro Lys Ser Arg Glu Phe Val
340 345 350

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Trp Gly Ser Ser Ser Glu Asp Glu
355 360 365

Asp Asp Glu Pro Arg Arg Val Ser Val Gly Ser Glu Thr Thr Gly Ser
370 375 380

Arg Ser Gly Arg Glu His Ala Pro Ser Pro Ser Asn Ser Asp Asp Ser
385 390 395 400

Asp Ser Asn Asp Gly Gly Ser Thr Lys Gln Asn Ile Gln Pro Gly Tyr
405 410 415

Arg Ser Ile Ser Gly Pro Asp Pro Arg Ile Arg Lys Thr Lys Arg Leu
420 425 430

Ala Gly Glu Pro Gly Arg Gln Arg Gln Lys Ser Phe Ser Leu Pro Arg
435 440 445

Ser Arg Thr Pro Ile Ile Pro Pro Val Ser Gly Pro Leu Met Met Pro
450 455 460

Asp Gly Ser Pro Trp Pro Gly Ser Ala Pro Leu Pro Ser Asn Arg Val
465 470 475 480

Arg Phe Gly Pro Ser Gly Glu Thr Arg Glu Gly His Trp Glu Asp Glu
485 490 495

Ala Val Arg Ala Ala Arg Ala Arg Tyr Glu Ala Ser Thr Glu Pro Val
500 505 510

Pro Leu Tyr Val Pro Glu Leu Gly Asp Pro Ala Arg Gln Tyr Arg Ala
515 520 525

Leu Ile Asn Leu Ile Tyr Cys Pro Asp Arg Asp Pro Ile Ala Trp Leu
530 535 540

Gln Asn Pro Lys Leu Thr Gly Val Asn Ser Ala Leu Asn Gln Phe Tyr
545 550 555 560

Gln Lys Leu Leu Pro Pro Gly Arg Ala Gly Thr Ala Val Thr Gly Ser
565 570 575

Val Ala Ser Pro Val Pro His Val Gly Glu Ala Met Ala Thr Gly Glu
580 585 590

Ala Leu Trp Ala Leu Pro His Ala Ala Ala Ala Val Ala Met Ser Arg
595 600 605

Arg Tyr Asp Arg Ala Gln Lys His Phe Ile Leu Gln Ser Leu Arg Arg
610 615 620

Ala Phe Ala Ser Met Ala Tyr Pro Glu Ala Thr Gly Ser Ser Pro Ala
625 630 635 640

Ala Arg Ile Ser Arg Gly His Pro Ser Pro Thr Thr Pro Ala Thr Gln
645 650 655

Ala Pro Asp Pro Gln Pro Ser Ala Ala Ala Arg Ser Leu Ser Val Cys
660 665 670

Pro Pro Asp Asp Arg Leu Arg Thr Pro Arg Lys Arg Lys Ser Gln Pro
675 680 685

Val Glu Ser Arg Ser Leu Leu Asp Lys Ile Arg Glu Thr Pro Val Ala
690 695 700

Asp Ala Arg Val Ala Asp Asp His Val Val Ser Lys Ala Lys Arg Arg
705 710 715 720

Val Ser Glu Pro Val Thr Ile Thr Ser Gly Pro Val Val Asp Pro Pro
725 730 735

Ala Val Ile Thr Met Pro Leu Asp Gly Pro Ala Pro Asn Gly Gly Phe
740 745 750

Arg Arg Ile Pro Arg Gly Ala Leu His Thr Pro Val Pro Ser Asp Gln
755 760 765

Ala Arg Lys Ala Tyr Cys Thr Pro Glu Thr Ile Ala Arg Leu Val Asp
770 775 780

Asp Pro Leu Phe Pro Thr Ala Trp Arg Pro Ala Leu Ser Phe Asp Pro
785 790 795 800

Gly Ala Leu Ala Glu Ile Ala Ala Arg Arg Pro Gly Gly Gly Asp Arg
805 810 815

Arg Phe Gly Pro Pro Ser Gly Val Glu Ala Leu Arg Arg Arg Cys Ala
820 825 830

Trp Met Arg Gln Ile Pro Asp Pro Glu Asp Val Arg Leu Leu Ile Ile
835 840 845

Tyr Asp Pro Leu Pro Gly Glu Asp Ile Asn Gly Pro Leu Glu Ser Thr
850 855 860

Leu Ala Thr Asp Pro Gly Pro Ser Trp Ser Pro Ser Arg Gly Gly Leu
865 870 875 880

Ser Val Val Leu Ala Ala Leu Ser Asn Arg Leu Cys Leu Pro Ser Thr
885 890 895

His Ala Trp Ala Gly Asn Trp Thr Gly Pro Pro Asp Val Ser Ala Leu
900 905 910

Asn Ala Arg Gly Val Leu Leu Leu Ser Thr Arg Asp Leu Ala Phe Ala
915 920 925

Gly Ala Val Glu Tyr Leu Gly Ser Arg Leu Ala Ser Ala Arg Arg Arg
930 935 940

Leu Leu Val Leu Asp Ala Val Ala Leu Glu Arg Trp Pro Arg Asp Gly
945 950 955 960

Pro Ala Leu Ser Gln Tyr His Val Tyr Val Arg Ala Pro Ala Arg Pro
965 970 975

Asp Ala Gln Ala Val Val Arg Trp Pro Asp Ser Ala Val Thr Glu Gly
980 985 990

Leu Ala Arg Ala Val Phe Ala Ser Ser Arg Thr Phe Gly Pro Ala Ser
995 1000 1005

Phe Ala Arg Ile Glu Thr Ala Phe Ala Asn Leu Tyr Pro Gly Glu
1010 1015 1020

Gln Pro Leu Cys Leu Cys Arg Gly Gly Asn Val Ala Tyr Thr Val
1025 1030 1035

Cys Thr Arg Ala Gly Pro Lys Thr Arg Val Pro Leu Ser Pro Arg
1040 1045 1050

Glu Tyr Arg Gln Tyr Val Leu Pro Gly Phe Asp Gly Cys Lys Asp
1055 1060 1065

Leu Ala Arg Gln Ser Arg Gly Leu Gly Leu Gly Ala Ala Asp Phe
1070 1075 1080

Val Asp Glu Ala Ala His Ser His Arg Ala Ala Asn Arg Trp Gly
1085 1090 1095

Leu Gly Ala Ala Leu Arg Pro Val Phe Leu Pro Glu Gly Arg Arg
1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ala Gly Pro Glu Ala Gly Asp Val Pro Thr Trp Ala
1115 1120 1125

Arg Val Phe Cys Arg His Ala Leu Leu Glu Pro Asp Pro Ala Ala
1130 1135 1140

Glu Pro Leu Val Leu Pro Pro Val Ala Gly Arg Ser Val Ala Leu
1145 1150 1155

Tyr Ala Ser Ala Asp Glu Ala Arg Asn Ala Leu Pro Pro Ile Pro
1160 1165 1170

Arg Val Met Trp Pro Pro Gly Phe Gly Ala Ala Glu Thr Val Leu
1175 1180 1185

Glu Gly Ser Asp Gly Thr Arg Phe Val Phe Gly His His Gly Gly
1190 1195 1200

Ser Glu Arg Pro Ser Glu Thr Gln Ala Gly Arg Gln Arg Arg Thr
1205 1210 1215

Ala Asp Asp Arg Glu His Ala Leu Glu Leu Asp Asp Trp Glu Val
1220 1225 1230

Gly Cys Glu Asp Ala Trp Asp Ser Glu Glu Gly Gly Gly Asp Asp
1235 1240 1245

Gly Asp Ala Pro Gly Ser Ser Phe Gly Val Ser Ile Val Ser Val
1250 1255 1260

Ala Pro Gly Val Leu Arg Asp Arg Arg Val Gly Leu Arg Pro Ala
1265 1270 1275

Val Lys Val Glu Leu Leu Ser Ser Ser Ser Ser Ser Glu Asp Glu
1280 1285 1290

Asp Asp Val Trp Gly Gly Arg Gly Gly Arg Ser Pro Pro Gln Ser
1295 1300 1305

Arg Gly
1310

<210> 43
<211> 1002
<212> DNA
<213> Varicella zoster

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1002)

<400> 43
atg cat tta aag cct acc aga ttt ttc cac gca aac caa ccg cca atg 48
Met His Leu Lys Pro Thr Arg Phe Phe His Ala Asn Gln Pro Pro Met
1 5 10 15

ccg cat tca tac gag atg gag gac tta tgc ttc gac gac atg caa tat	96
Pro His Ser Tyr Glu Met Glu Asp Leu Cys Phe Asp Asp Met Gln Tyr	
20 25 30	
cgc tgg tct ccc tcg aac aca ccc tat cga agt atg tct agg cga tat	144
Arg Trp Ser Pro Ser Asn Thr Pro Tyr Arg Ser Met Ser Arg Arg Tyr	
35 40 45	
aaa tcc gta tct cgg agc ggg cct tcg atg cgt gta cgc tcc aga acg	192
Lys Ser Val Ser Arg Ser Gly Pro Ser Met Arg Val Arg Ser Arg Thr	
50 55 60	
cca tgc cgc cgt caa acc att cga gga aaa ctt atg tca aag gag cgg	240
Pro Cys Arg Arg Gln Thr Ile Arg Gly Lys Leu Met Ser Lys Glu Arg	
65 70 75 80	
tct gtg tac cgc cat tat ttt aat tac atc gca agg tcc ccc cca gaa	288
Ser Val Tyr Arg His Tyr Phe Asn Tyr Ile Ala Arg Ser Pro Pro Glu	
85 90 95	
gaa cta gct acc gtt aga ggc tta atc gtg cca att att aag acg acc	336
Glu Leu Ala Thr Val Arg Gly Leu Ile Val Pro Ile Ile Lys Thr Thr	
100 105 110	
cct gtc acc ctt ccg ttt aac ttg ggt cag aca gtg gcg gat aac tgc	384
Pro Val Thr Leu Pro Phe Asn Leu Gly Gln Thr Val Ala Asp Asn Cys	
115 120 125	
ctg tcg tta tcc gga atg ggt tat cat tta ggt ctc gga ggt tat tgt	432
Leu Ser Leu Ser Gly Met Gly Tyr His Leu Gly Leu Gly Gly Tyr Cys	
130 135 140	
ccg aca tgc act gca tct gga gaa ccg cgt cta tgt cga acc gat cgg	480
Pro Thr Cys Thr Ala Ser Gly Glu Pro Arg Leu Cys Arg Thr Asp Arg	
145 150 155 160	
gcg gct ctg ata cta gca tat gtt cag cag ctt aac aac ata tac gaa	528
Ala Ala Leu Ile Leu Ala Tyr Val Gln Gln Leu Asn Asn Ile Tyr Glu	
165 170 175	
tat cgt gtg ttt ctt gca tcc att ttg gcg cta tca gac cga gcc aac	576
Tyr Arg Val Phe Leu Ala Ser Ile Leu Ala Leu Ser Asp Arg Ala Asn	
180 185 190	
atg caa gca gcg tcc gct gaa ccc cta ttg tcg agc gta ttg gca caa	624
Met Gln Ala Ala Ser Ala Glu Pro Leu Leu Ser Ser Val Leu Ala Gln	
195 200 205	
ccg gaa tta ttt ttt atg tat cat att atg agg gag ggg ggc atg cga	672

Pro Glu Leu Phe Phe Met Tyr His Ile Met Arg Glu Gly Gly Met Arg
 210 215 220

gat ata cgc gta ctt ttt tat cgt gat gga gat gcc gga ggg ttt atg 720
 Asp Ile Arg Val Leu Phe Tyr Arg Asp Gly Asp Ala Gly Gly Phe Met
 225 230 235 240

atg tat gtt ata ttt ccg ggg aaa tct gtt cac ctc cat tac aga cta 768
 Met Tyr Val Ile Phe Pro Gly Lys Ser Val His Leu His Tyr Arg Leu
 245 250 255

atc gat cat ata cag gcc gcg tgt cgg ggg tat aaa ata gtc gca cac 816
 Ile Asp His Ile Gln Ala Ala Cys Arg Gly Tyr Lys Ile Val Ala His
 260 265 270

gtt tgg cag aca aca ttt tta ctg tcg gta tgt cgc aac cca gaa caa 864
 Val Trp Gln Thr Thr Phe Leu Leu Ser Val Cys Arg Asn Pro Glu Gln
 275 280 285

caa aca gag act gtg gtg cca tcc att gga aca tcg gac gtt tac tgt 912
 Gln Thr Glu Thr Val Val Pro Ser Ile Gly Thr Ser Asp Val Tyr Cys
 290 295 300

aaa atg tgt gac ctt aac ttt gat gga gaa ttg ctt ttg gaa tac aaa 960
 Lys Met Cys Asp Leu Asn Phe Asp Gly Glu Leu Leu Leu Glu Tyr Lys
 305 310 315 320

aga ctc tac gca tta ttt gat gac ttt gtt cct cct cgg tga 1002
 Arg Leu Tyr Ala Leu Phe Asp Asp Phe Val Pro Pro Arg
 325 330

<210> 44
 <211> 333
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 44

Met His Leu Lys Pro Thr Arg Phe Phe His Ala Asn Gln Pro Pro Met
 1 5 10 15

Pro His Ser Tyr Glu Met Glu Asp Leu Cys Phe Asp Asp Met Gln Tyr
 20 25 30

Arg Trp Ser Pro Ser Asn Thr Pro Tyr Arg Ser Met Ser Arg Arg Tyr
 35 40 45

Lys Ser Val Ser Arg Ser Gly Pro Ser Met Arg Val Arg Ser Arg Thr
 50 55 60

Pro Cys Arg Arg Gln Thr Ile Arg Gly Lys Leu Met Ser Lys Glu Arg
 65 70 75 80

Ser Val Tyr Arg His Tyr Phe Asn Tyr Ile Ala Arg Ser Pro Pro Glu
 85 90 95

Glu Leu Ala Thr Val Arg Gly Leu Ile Val Pro Ile Ile Lys Thr Thr
 100 105 110

Pro Val Thr Leu Pro Phe Asn Leu Gly Gln Thr Val Ala Asp Asn Cys
 115 120 125

Leu Ser Leu Ser Gly Met Gly Tyr His Leu Gly Leu Gly Gly Tyr Cys
 130 135 140

Pro Thr Cys Thr Ala Ser Gly Glu Pro Arg Leu Cys Arg Thr Asp Arg
 145 150 155 160

Ala Ala Leu Ile Leu Ala Tyr Val Gln Gln Leu Asn Asn Ile Tyr Glu
 165 170 175

Tyr Arg Val Phe Leu Ala Ser Ile Leu Ala Leu Ser Asp Arg Ala Asn
 180 185 190

Met Gln Ala Ala Ser Ala Glu Pro Leu Leu Ser Ser Val Leu Ala Gln
 195 200 205

Pro Glu Leu Phe Phe Met Tyr His Ile Met Arg Glu Gly Gly Met Arg
 210 215 220

Asp Ile Arg Val Leu Phe Tyr Arg Asp Gly Asp Ala Gly Gly Phe Met
 225 230 235 240

Met Tyr Val Ile Phe Pro Gly Lys Ser Val His Leu His Tyr Arg Leu

245

250

255

Ile Asp His Ile Gln Ala Ala Cys Arg Gly Tyr Lys Ile Val Ala His
 260 265 270

Val Trp Gln Thr Thr Phe Leu Leu Ser Val Cys Arg Asn Pro Glu Gln
 275 280 285

Gln Thr Glu Thr Val Val Pro Ser Ile Gly Thr Ser Asp Val Tyr Cys
 290 295 300

Lys Met Cys Asp Leu Asn Phe Asp Gly Glu Leu Leu Leu Glu Tyr Lys
 305 310 315 320

Arg Leu Tyr Ala Leu Phe Asp Asp Phe Val Pro Pro Arg
 325 330

<210> 45
 <211> 1533
 <212> DNA
 <213> Varicella zoster

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1533)

<400> 45
 atg gat gct gac gac aca ccc ccc aac ctc caa ata tct cca act gca 48
 Met Asp Ala Asp Asp Thr Pro Pro Asn Leu Gln Ile Ser Pro Thr Ala
 1 5 10 15
 gga cct ttg cgt tcc cac cac aat acc gac gga cat gaa cca aat gca 96
 Gly Pro Leu Arg Ser His His Asn Thr Asp Gly His Glu Pro Asn Ala
 20 25 30
 acc gca gcc gat cag caa gaa cga gaa tcc acc aac ccc aca cac gga 144
 Thr Ala Ala Asp Gln Gln Glu Arg Glu Ser Thr Asn Pro Thr His Gly
 35 40 45
 tgt gta aat cat cca tgg gcc aat ccg tca act gca aca tgc atg gaa 192
 Cys Val Asn His Pro Trp Ala Asn Pro Ser Thr Ala Thr Cys Met Glu
 50 55 60

tca cca gaa cga tca caa cag aca agc tta ttt tta tta aag cac ggc Ser Pro Glu Arg Ser Gln Gln Thr Ser Leu Phe Leu Leu Lys His Gly 65 70 75 80	240
tta acg aga gat cca ata cat caa cgc gaa agg gtg gac gtt ttt cca Leu Thr Arg Asp Pro Ile His Gln Arg Glu Arg Val Asp Val Phe Pro 85 90 95	288
caa ttt aac aaa ccc cca tgg gtt ttt aga att tcc aaa tta tcc cgt Gln Phe Asn Lys Pro Pro Trp Val Phe Arg Ile Ser Lys Leu Ser Arg 100 105 110	336
tta att gta ccc atc ttc acg ctc aat gaa cag tta tgt ttt tct aaa Leu Ile Val Pro Ile Phe Thr Leu Asn Glu Gln Leu Cys Phe Ser Lys 115 120 125	384
tta cag att cga gat aga ccc agg ttt gcg gga cgg gga acg tat ggg Leu Gln Ile Arg Asp Arg Pro Arg Phe Ala Gly Arg Gly Thr Tyr Gly 130 135 140	432
cgt gtt cat ata tac cca tcg tca aaa ata gct gta aaa acc atg gac Arg Val His Ile Tyr Pro Ser Ser Lys Ile Ala Val Lys Thr Met Asp 145 150 155 160	480
agt cgt gtt ttt aat aga gag tta att aac gcg att tta gcg agt gag Ser Arg Val Phe Asn Arg Glu Leu Ile Asn Ala Ile Leu Ala Ser Glu 165 170 175	528
ggt tct ata cga gca ggg gaa agg cta ggt att tct agc ata gtt tgc Gly Ser Ile Arg Ala Gly Glu Arg Leu Gly Ile Ser Ser Ile Val Cys 180 185 190	576
ctt tta ggt ttt tcg tta caa acc aaa cag cta ctg ttt ccg gca tac Leu Leu Gly Phe Ser Leu Gln Thr Lys Gln Leu Leu Phe Pro Ala Tyr 195 200 205	624
gac atg gat atg gat gaa tac att gtt cgc ctg tcc aga cgg ttg aca Asp Met Asp Met Asp Glu Tyr Ile Val Arg Leu Ser Arg Arg Leu Thr 210 215 220	672
ata cct gat cac ata gac aga aaa att gcc cat gta ttt tta gat ttg Ile Pro Asp His Ile Asp Arg Lys Ile Ala His Val Phe Leu Asp Leu 225 230 235 240	720
gct caa gcg ttg acg ttt tta aat cga acg tgc ggc ctg acc cac cta Ala Gln Ala Leu Thr Phe Leu Asn Arg Thr Cys Gly Leu Thr His Leu 245 250 255	768
gat gtg aaa tgt ggc aat att ttt ctt aac gtc gac aac ttt gcc tcg Asp Val Lys Cys Gly Asn Ile Phe Leu Asn Val Asp Asn Phe Ala Ser 816	

260	265	270	
ttg gaa ata acc aca gca gta atc gga gac tat agc cta gta aca tta Leu Glu Ile Thr Thr Ala Val Ile Gly Asp Tyr Ser Leu Val Thr Leu 275 280 285			864
aat acg tat tcc ctt tgt act cga gcg ata ttt gaa gtt gga aat cca Asn Thr Tyr Ser Leu Cys Thr Arg Ala Ile Phe Glu Val Gly Asn Pro 290 295 300			912
tcc cac ccg gag cac gta cta cgc gta ccc cgg gat gca tcg cag atg Ser His Pro Glu His Val Leu Arg Val Pro Arg Asp Ala Ser Gln Met 305 310 315 320			960
tca ttt cgt ttg gtg ttg agt cat gga aca aac caa ccc cct gaa atc Ser Phe Arg Leu Val Leu Ser His Gly Thr Asn Gln Pro Pro Glu Ile 325 330 335			1008
ttg ctt gat tat att aat gga acg ggc ctt act aaa tat act gga acc Leu Leu Asp Tyr Ile Asn Gly Thr Gly Leu Thr Lys Tyr Thr Gly Thr 340 345 350			1056
ttg ccc caa aga gtt gga ctt gcg att gat ctt tat gca ttg ggc caa Leu Pro Gln Arg Val Gly Leu Ala Ile Asp Leu Tyr Ala Leu Gly Gln 355 360 365			1104
gca ctc tta gaa gtt atc ctg cta gga cgt ctt ccc gga caa ctg ccc Ala Leu Leu Glu Val Ile Leu Leu Gly Arg Leu Pro Gly Gln Leu Pro 370 375 380			1152
att tca gta cat cgg acc ccg cat tat cac tac tac ggt cat aag tta Ile Ser Val His Arg Thr Pro His Tyr His Tyr Tyr Gly His Lys Leu 385 390 395 400			1200
tca cca gat ttg gcg ctt gat acg ctg gca tat cga tgt gtc ctg gcg Ser Pro Asp Leu Ala Leu Asp Thr Leu Ala Tyr Arg Cys Val Leu Ala 405 410 415			1248
cca tat ata ctc cca tct gac atc ccc ggg gac tta aat tat aat ccc Pro Tyr Ile Leu Pro Ser Asp Ile Pro Gly Asp Leu Asn Tyr Asn Pro 420 425 430			1296
ttt ata cac gcc gga gag ctg aac acc cgt att tcc cgg aat tct tta Phe Ile His Ala Gly Glu Leu Asn Thr Arg Ile Ser Arg Asn Ser Leu 435 440 445			1344
cgc cgg ata ttc cag tgt cac gca gtg cgt tac ggc gta acg cac tca Arg Arg Ile Phe Gln Cys His Ala Val Arg Tyr Gly Val Thr His Ser 450 455 460			1392

aag ctt ttc gaa ggc ata cgc att ccg gcc tca tta tac cca gcc act 1440
 Lys Leu Phe Glu Gly Ile Arg Ile Pro Ala Ser Leu Tyr Pro Ala Thr
 465 470 475 480

gtt gtt aca tcg ttg ttg tgt cac gat aat tca gaa ata cgc tcg gat 1488
 Val Val Thr Ser Leu Leu Cys His Asp Asn Ser Glu Ile Arg Ser Asp
 485 490 495

cac cct tta tta tgg cac gat cgg gat tgg ata gga tcg aca taa 1533
 His Pro Leu Leu Trp His Asp Arg Asp Trp Ile Gly Ser Thr
 500 505 510

<210> 46
 <211> 510
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 46

Met Asp Ala Asp Asp Thr Pro Pro Asn Leu Gln Ile Ser Pro Thr Ala
 1 5 10 15

Gly Pro Leu Arg Ser His His Asn Thr Asp Gly His Glu Pro Asn Ala
 20 25 30

Thr Ala Ala Asp Gln Gln Glu Arg Glu Ser Thr Asn Pro Thr His Gly
 35 40 45

Cys Val Asn His Pro Trp Ala Asn Pro Ser Thr Ala Thr Cys Met Glu
 50 55 60

Ser Pro Glu Arg Ser Gln Gln Thr Ser Leu Phe Leu Leu Lys His Gly
 65 70 75 80

Leu Thr Arg Asp Pro Ile His Gln Arg Glu Arg Val Asp Val Phe Pro
 85 90 95

Gln Phe Asn Lys Pro Pro Trp Val Phe Arg Ile Ser Lys Leu Ser Arg
 100 105 110

Leu Ile Val Pro Ile Phe Thr Leu Asn Glu Gln Leu Cys Phe Ser Lys
 115 120 125

Leu Gln Ile Arg Asp Arg Pro Arg Phe Ala Gly Arg Gly Thr Tyr Gly
130 135 140

Arg Val His Ile Tyr Pro Ser Ser Lys Ile Ala Val Lys Thr Met Asp
145 150 155 160

Ser Arg Val Phe Asn Arg Glu Leu Ile Asn Ala Ile Leu Ala Ser Glu
165 170 175

Gly Ser Ile Arg Ala Gly Glu Arg Leu Gly Ile Ser Ser Ile Val Cys
180 185 190

Leu Leu Gly Phe Ser Leu Gln Thr Lys Gln Leu Leu Phe Pro Ala Tyr
195 200 205

Asp Met Asp Met Asp Glu Tyr Ile Val Arg Leu Ser Arg Arg Leu Thr
210 215 220

Ile Pro Asp His Ile Asp Arg Lys Ile Ala His Val Phe Leu Asp Leu
225 230 235 240

Ala Gln Ala Leu Thr Phe Leu Asn Arg Thr Cys Gly Leu Thr His Leu
245 250 255

Asp Val Lys Cys Gly Asn Ile Phe Leu Asn Val Asp Asn Phe Ala Ser
260 265 270

Leu Glu Ile Thr Thr Ala Val Ile Gly Asp Tyr Ser Leu Val Thr Leu
275 280 285

Asn Thr Tyr Ser Leu Cys Thr Arg Ala Ile Phe Glu Val Gly Asn Pro
290 295 300

Ser His Pro Glu His Val Leu Arg Val Pro Arg Asp Ala Ser Gln Met
305 310 315 320

Ser Phe Arg Leu Val Leu Ser His Gly Thr Asn Gln Pro Pro Glu Ile
325 330 335

Leu Leu Asp Tyr Ile Asn Gly Thr Gly Leu Thr Lys Tyr Thr Gly Thr
340 345 350

Leu Pro Gln Arg Val Gly Leu Ala Ile Asp Leu Tyr Ala Leu Gly Gln
355 360 365

Ala Leu Leu Glu Val Ile Leu Leu Gly Arg Leu Pro Gly Gln Leu Pro
370 375 380

Ile Ser Val His Arg Thr Pro His Tyr His Tyr Tyr Gly His Lys Leu
385 390 395 400

Ser Pro Asp Leu Ala Leu Asp Thr Leu Ala Tyr Arg Cys Val Leu Ala
405 410 415

Pro Tyr Ile Leu Pro Ser Asp Ile Pro Gly Asp Leu Asn Tyr Asn Pro
420 425 430

Phe Ile His Ala Gly Glu Leu Asn Thr Arg Ile Ser Arg Asn Ser Leu
435 440 445

Arg Arg Ile Phe Gln Cys His Ala Val Arg Tyr Gly Val Thr His Ser
450 455 460

Lys Leu Phe Glu Gly Ile Arg Ile Pro Ala Ser Leu Tyr Pro Ala Thr
465 470 475 480

Val Val Thr Ser Leu Leu Cys His Asp Asn Ser Glu Ile Arg Ser Asp
485 490 495

His Pro Leu Leu Trp His Asp Arg Asp Trp Ile Gly Ser Thr
500 505 510

<210> 47
<211> 246

<212> DNA

<213> Varicella zoster

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(246)

<400> 47

atg gga caa tct tca tcc agc ggt cga gga gga atc tgt gga ttg tgc	48
Met Gly Gln Ser Ser Ser Ser Gly Arg Gly Gly Ile Cys Gly Leu Cys	
1 5 10 15	

aaa cgg tac aac gag ctt gtt acg tgc aac gga gaa acc gtt gct ttg	96
Lys Arg Tyr Asn Glu Leu Val Thr Cys Asn Gly Glu Thr Val Ala Leu	
20 25 30	

aac tca gag ttc ttt gaa gac ttt gac ttt gat gag aat gta aca gag	144
Asn Ser Glu Phe Phe Glu Asp Phe Asp Phe Asp Glu Asn Val Thr Glu	
35 40 45	

gac gcc gat aaa tcc aca caa cgc cgc cca cga gtg atc gat gta aca	192
Asp Ala Asp Lys Ser Thr Gln Arg Arg Pro Arg Val Ile Asp Val Thr	
50 55 60	

cca aaa cga aaa cct tcg gga aag agc tcc cat tcc aaa tgc gca aaa	240
Pro Lys Arg Lys Pro Ser Gly Lys Ser Ser His Ser Lys Cys Ala Lys	
65 70 75 80	

tgt taa	246
Cys	

<210> 48

<211> 81

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 48

Met Gly Gln Ser Ser Ser Ser Gly Arg Gly Gly Ile Cys Gly Leu Cys
1 5 10 15

Lys Arg Tyr Asn Glu Leu Val Thr Cys Asn Gly Glu Thr Val Ala Leu
20 25 30

Asn Ser Glu Phe Phe Glu Asp Phe Asp Phe Asp Glu Asn Val Thr Glu

35

40

45

Asp Ala Asp Lys Ser Thr Gln Arg Arg Pro Arg Val Ile Asp Val Thr
 50 55 60

Pro Lys Arg Lys Pro Ser Gly Lys Ser Ser His Ser Lys Cys Ala Lys
 65 70 75 80

Cys

<210> 49
 <211> 735
 <212> DNA
 <213> Varicella zoster

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(735)

<400> 49
 atg aaa aat ccg cag aaa tta gcg atc aca ttc ttg ccg ctc tac gtg 48
 Met Lys Asn Pro Gln Lys Leu Ala Ile Thr Phe Leu Pro Leu Tyr Val
 1 5 10 15

atc cca acg tac acg ttg tgt att aaa gca ttg tat aaa aac acg cat 96
 Ile Pro Thr Tyr Thr Leu Cys Ile Lys Ala Leu Tyr Lys Asn Thr His
 20 25 30

gcg ggc ttg ctg ttc tca ttt cta ggt ttt gtc tta aat aca ccc gcc 144
 Ala Gly Leu Leu Phe Ser Phe Leu Gly Phe Val Leu Asn Thr Pro Ala
 35 40 45

atg agc atc tct gga ccc cca acg acg ttt att tta tat agg tta cat 192
 Met Ser Ile Ser Gly Pro Pro Thr Thr Phe Ile Leu Tyr Arg Leu His
 50 55 60

ggg gtt agg cgg gtt ctt cac tgg act tta ccg gat cat gaa caa aca 240
 Gly Val Arg Arg Val Leu His Trp Thr Leu Pro Asp His Glu Gln Thr
 65 70 75 80

ctc tac gca ttt acg ggt ggg tca aga tca atg gcg gtg aag acg gac 288
 Leu Tyr Ala Phe Thr Gly Gly Ser Arg Ser Met Ala Val Lys Thr Asp
 85 90 95

gct cga tgt gat aca atg agc ggt ggt atg atc gtc ctt caa cac acc 336
 Ala Arg Cys Asp Thr Met Ser Gly Gly Met Ile Val Leu Gln His Thr
 100 105 110

cat aca gtg acc ctg cta acc ata gac tgt tct act gac ttt tca tca 384
 His Thr Val Thr Leu Leu Thr Ile Asp Cys Ser Thr Asp Phe Ser Ser
 115 120 125

tac gca ttt acg cac cgg gat ttc cac tta cag gac aaa ccc cac gca 432
 Tyr Ala Phe Thr His Arg Asp Phe His Leu Gln Asp Lys Pro His Ala
 130 135 140

aca ttt gcg atg ccg ttt atg tcc tgg gtc ggt tct gac cca aca tct 480
 Thr Phe Ala Met Pro Phe Met Ser Trp Val Gly Ser Asp Pro Thr Ser
 145 150 155 160

cag ctg tac agt aat gtg ggg ggg gta cta tcc gta ata acg gaa gat 528
 Gln Leu Tyr Ser Asn Val Gly Gly Val Leu Ser Val Ile Thr Glu Asp
 165 170 175

gac cta tcc atg tgt atc tca att gtt ata tac ggt tta cgg gta aac 576
 Asp Leu Ser Met Cys Ile Ser Ile Val Ile Tyr Gly Leu Arg Val Asn
 180 185 190

aga cct gac gat cag acc aca cca aca cca acc ccg cac cag tat aca 624
 Arg Pro Asp Asp Gln Thr Thr Pro Thr Pro Thr Pro His Gln Tyr Thr
 195 200 205

tcg caa agg cgg cag cct gaa acc aac tgt cct tct tca cca caa ccg 672
 Ser Gln Arg Arg Gln Pro Glu Thr Asn Cys Pro Ser Ser Pro Gln Pro
 210 215 220

gcc ttt ttc aca tca gac gac gac gtt ctt tcg tta ata tta cgg gac 720
 Ala Phe Phe Thr Ser Asp Asp Asp Val Leu Ser Leu Ile Leu Arg Asp
 225 230 235 240

gcc gca aac gcg taa 735
 Ala Ala Asn Ala

<210> 50
 <211> 244
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 50

Met Lys Asn Pro Gln Lys Leu Ala Ile Thr Phe Leu Pro Leu Tyr Val
 1 5 10 15

Ile Pro Thr Tyr Thr Leu Cys Ile Lys Ala Leu Tyr Lys Asn Thr His
20 25 30

Ala Gly Leu Leu Phe Ser Phe Leu Gly Phe Val Leu Asn Thr Pro Ala
35 40 45

Met Ser Ile Ser Gly Pro Pro Thr Thr Phe Ile Leu Tyr Arg Leu His
50 55 60

Gly Val Arg Arg Val Leu His Trp Thr Leu Pro Asp His Glu Gln Thr
65 70 75 80

Leu Tyr Ala Phe Thr Gly Gly Ser Arg Ser Met Ala Val Lys Thr Asp
85 90 95

Ala Arg Cys Asp Thr Met Ser Gly Gly Met Ile Val Leu Gln His Thr
100 105 110

His Thr Val Thr Leu Leu Thr Ile Asp Cys Ser Thr Asp Phe Ser Ser
115 120 125

Tyr Ala Phe Thr His Arg Asp Phe His Leu Gln Asp Lys Pro His Ala
130 135 140

Thr Phe Ala Met Pro Phe Met Ser Trp Val Gly Ser Asp Pro Thr Ser
145 150 155 160

Gln Leu Tyr Ser Asn Val Gly Gly Val Leu Ser Val Ile Thr Glu Asp
165 170 175

Asp Leu Ser Met Cys Ile Ser Ile Val Ile Tyr Gly Leu Arg Val Asn
180 185 190

Arg Pro Asp Asp Gln Thr Thr Pro Thr Pro Thr Pro His Gln Tyr Thr
195 200 205

Ser Gln Arg Arg Gln Pro Glu Thr Asn Cys Pro Ser Ser Pro Gln Pro
210 215 220

Ala Phe Phe Thr Ser Asp Asp Asp Val Leu Ser Leu Ile Leu Arg Asp
225 230 235 240

Ala Ala Asn Ala

<210> 51
<211> 124884
<212> DNA
<213> Varicella zoster

<220>
<221> CDS
<222> (5569)..(6405)

<220>
<221> CDS
<222> (6553)..(7095)

<220>
<221> CDS
<222> (12245)..(12553)

<220>
<221> CDS
<222> (15752)..(19684)

<220>
<221> CDS
<222> (20400)..(21803)

<220>
<221> CDS
<222> (23666)..(24583)

<220>
<221> CDS
<222> (25259)..(25474)

<220>
<221> CDS
<222> (31035)..(32030)

<220>
<221> CDS
<222> (54592).. (56217)

<220>
<221> CDS
<222> (60132).. (60908)

<220>
<221> CDS
<222> (60975).. (62714)

<220>
<221> CDS
<222> (62747).. (64564)

<220>
<221> CDS
<222> (74249).. (77833)

<220>
<221> CDS
<222> (80267).. (80737)

<220>
<221> CDS
<222> (80864).. (81673)

<220>
<221> CDS
<222> (81747).. (82454)

<220>
<221> CDS
<222> (94410).. (95861)

<220>
<221> CDS
<222> (96040).. (98367)

<220>
<221> CDS
<222> (98392).. (99312)

<220>
<221> CDS
<222> (101091).. (102317)

<220>
<221> CDS

<222> (102407)..(103627)

<220>

<221> CDS

<222> (103772)..(105454)

<220>

<221> CDS

<222> (114218)..(115408)

<220>

<221> CDS

<222> (116308)..(119559)

<220>

<221> CDS

<222> (119611)..(120633)

<220>

<221> CDS

<222> (120744)..(122102)

<220>

<221> CDS

<222> (122438)..(122977)

<220>

<221> CDS

<222> (123970)..(124296)

<400> 51

cctctcccgg ggtccgccgg gcgcccagaa accggggggg ggttatatttc ggggggggggt 60

ccgaccagcc cgcccgctgc ccgcccgcac agacagacag acactttttt cataaaaacc 120

gttccgcttt tattaacaac aaacagtccg cgcgccagtg gcgctcacga gaaaaggagg 180

ggactccgtc acccccgact ctgcgggggg ctcttcccc cgcgccctcc ccacacatcg 240

tcctcgtcct cggaggacga ggacgaggac aacagctcca ccttgaccgc cgggcgcaaa 300

cccaccggc ggtctcgcag cacaccggg gccaccgaca cgatgctcac cccaaaggat 360

gaccccggtg cgtccccgtc gtccccgcc cctcctcgc tgtcccacgc gtcttcacac 420

cccacctccc aatcgtccag ctccaaagcg tgttctctgt cgtctgcggt gcgccgctgt 480

cgccccgcct gggtttctga cggccgttcc gagccccgt ggtgtccgaa cacgaaccgt 540

gttccgtcgc tcccctccaa caccgtctcc gcggcccaa aaccgggcgg ccacattact 600

ctgggaatcg gggggagggc attccgagcc tcgtccgccg acgcatacag cgccaccgac 660
cgaccggcca cgggtggaag cacgagtggc tctgcggcag ggtcgggttc cagcagggcg 720
tggcggcaaa acaccctcgc ccaggtgggt acgtcgccgg cctccggccc ggcgggcccc 780
ggtctccgtc cctcgggaag gaagacgggt cgaagcgccg caccagggc ccatcggttt 840
gctgcgcggt ggctatgtgc cgcctcgtcc acaaagtcgg ctgccccgag cccagaccc 900
cgagactgtc gcgcgaggtc cttgcaaccg tcaaaacccg gcagcacgta ctgccggtat 960
tcacggggcg acagggggac gcgggtcttg gggcccgcgc gggtagacac ggtgtatgcg 1020
acgttcccac cgcggcacia acacaggggt tgttcgcccg ggtacaggtt ggcaaacgca 1080
gtctcgatac gagcaaaact cgctggccca aaggtgcgcg acgatgcaaa cacggccccg 1140
gcgagtcctt ctgtgaccgc cgagtctggc catcggaaga cggcctgggc gtccggtcgc 1200
gccggggccc ggacgtacac gtgatactga gacaaagcgg gtccatccct gggccacctc 1260
tcgagggccca ccgctccaa caccagcaac cggcgccggg cagaggccaa ccgcgagcct 1320
agatactcga cggccccggc aaaggccagg tctcgggtcg acagtaataa aacgccccgg 1380
gcgttcaaag cggacacgtc cggcggggcg gtccagttcc cggcccaggc atgagtgtc 1440
ggcaggcaca accggttact cagggtgcc aggaccacag acagtcccc tcgggatgga 1500
ctccatgacg gtcccggatc tgtcgcgagg gtgctctcga gggggccgtt gatgtcctct 1560
ccgggcaacg gatcgtagat gatcagaagc ctcacatcct ccgggtctgg gatctgccgc 1620
atccaggcgc acctccgtcg cagcgctcc actccgtgg gtggaccaa cgtcgggtct 1680
cctccggccc gacgccgagc ggcgatttcc gccaaaggcg cgggatcaaa gcttagcgca 1740
gggcgccagg ccgtgggaaa caatgggtcg tcgaccagac gggcgatggt ttcgggggta 1800
cagtacgcct tgcgagcctg gtccgacggg accgggggtat gcagggcccc ccggggaata 1860
cgccgaaatc ccccgtttgg ggccgggtccg tcaagtggca tcgttattac ggcgggggga 1920
tccaccacag ggcccaggt gatggtcacg ggctcggata cccgcctctt ggccttgaa 1980
accacatgat cgtctgcaac ccgggcgtcc gcgacgggtg tctccctaat cttgtcagg 2040
aggcttctgc tctcgactgg ctgggacttg cgcttgcgcg gagttcgtaa acgatcatcc 2100

ggtggacaca cagaaagaga gcgtgcggcg gccgacggct gagggtcggg agcctgtgtg 2160
gccgggggttg ttggagaagg gtgaccgcgg gagatccgcg ccgccggact ggagcccgtt 2220
gcctcgggggt atgcatgct ggcaaaggct ctgcggagac tctgtaggat aaagtgtttt 2280
tgggcccgggt cgtatcgacg gctcatagcc acggccgcgg ccgcgtgggg gagagcccag 2340
agggcctccc ccgtggccat ggcttcgcct acatgcggaa cgggagacgc tacgctcccc 2400
gtaacggcgg taccgccccg tcccgggtggc aacagctttt ggtagaactg gttcagggcc 2460
gagttgacac cggtcagctt ggggttcttg agccatgcta tagggctctt gtctggacag 2520
tagatcaggt taatcagcg gcggtactgt ctagccggat ctcccaactc cggcacgtaa 2580
agcggcacgg gttccgttga ggcctcgtaa cgagcccgcg ccgctctcac agcctcatcc 2640
tcccagtgac cctctctggt ctccccggac ggtccaaacc gcacctgtt ggatgggagg 2700
ggtgccgatc cgggccaagg gcttccgtcg ggcacatga gcggccccga caccggggga 2760
attatcgggg ttctggatcg cggcaggga aatgatttct gtctctggcg ccccggttcc 2820
cccgaagac gtttggctctt acgaatctc ggatcgggac cgctgatgga tcgatatccc 2880
ggttggatat tttgttctgt cgaccacca tcatttgagt ccgaatcatc cgaatttgac 2940
ggggaagggg cgtgttcgcg tccggacctg ctgcctgtag tttcacttcc caccgaaacg 3000
cgccgggggt catcgtcttc atcctccgat gacgatcccc acgacgagga agaggatgaa 3060
gacgaaacaa actcacgact ctttggcttt ttctccactg ggctgtcatc ctcaatcggg 3120
tctggtgcgt gggatcttcc cggcagggcc aaaaacgctc taggtttgcc ccccgcgaa 3180
cgtccaggga cgcgagggtg tataccccgg gcatcatggt tccttgggcg ggtatcatcg 3240
gtctcaaacg gcagggtccg ctttgcccc tttagcggga cgctgtccga aaggacgtgg 3300
tacaattgct caaccgggcc gggtacaggt ccaccgggtt tccgcgccgg gagtgggacc 3360
ttaaccttca aagtcttttt ctccgggctc ttccctgag cgggccgttg agttttctgg 3420
agaactactc cgtccccga tgcattgcga tgaccgcctt gctcatcgcc cggcttttta 3480
cccagatgg actgagtttg tctgtctcga tggaccaccg acggcaaacc tggatgaattt 3540
cctctcgtcg tttgtcgggg tatagaccgc tggtcttccc gttgatcgtt cccggcggcg 3600

tctccaacag gagacgcggg ggatacaggg gagaaggcct gcgggaacgg aggggtcgt 3660
cctctgcccg tttcccatc gttcatcggg ggttttggag acctagcaag cttcgttccg 3720
agagagactg tctcaaggga gcgatcggct cctgttggtt ctgcgcgcc gccctccgag 3780
aatcgggtgt ggaagacctc ggccagcggg attacaggcg agcccattag atcctgaccg 3840
tcctcgcata cgtagtcgtc ttgtgttagc tcttcgcaa catcttccgt tctgggttct 3900
ggttgaagtc ccgatacggg gggaattgaa acgatctcgt gttcccgacc caccatgacc 3960
ccgttctctc caaatagtag atcgtcaggc tgactcgagg tgaccacccg ggccctgtgt 4020
tcggcggccg ccgcggccgc gtccaacagg tccattaact ccaaagtatc aggcgacccc 4080
gcgcgttggg gtgtagagcg ctgcatcggc ggcgtatcca tcgcactggg gtgaatttag 4140
acgtacccga gttttccaaa cgctctcgca gccttcaaag gattgcgatt gcggttggtg 4200
agggagttcc aacagtactt aaaacgtgtt gtgccccccc ctgaccgca tatttcctcc 4260
ccgtgtcgtc accgtgtaaa tattcttaat gataagacga tgtagtgatt ggacgagact 4320
cgaggcggga agttcatgga ccatagtatg cgtttaagga gagaccgtg gttggcgatg 4380
tacgcccgtt gtctatttcc gcatacctta caacatcata acaagggata ccagacatgt 4440
gaatttcatt tacatatgtt taaataacaa ccaatcatcg tgtgtctaca gacgatatat 4500
aatatacata aacacaattg gggttgtctc acatgcaaaa catcttatat aacacgggtt 4560
gtttccacc atccggcatc tagttaatca aatgcacgtc gacggtgtgt ttgggtccct 4620
ctccgtcgtc attacgttcg cgcaatcaac aagcgtatac accaccacc ctcccaacga 4680
ttatgtcagg cggcacgaag cccgcgataa ccataaaat acacacgggg ttgtggtgtt 4740
cacgtaaccc cccgccgatg gggagggggc gcggtacccc gccgatgggg agggggcgcg 4800
gtaccccgcc gatggggagg gggcgcggtc cccgccgat ggggaggggg cgcggtaccc 4860
cgccgatggg gagggggcg cgtacccgc cgatgtttat aaccataatt ctctaaaccg 4920
ttgtagaaaa tcacaaaaaa atttattcaa aaacaagtcg aagaacttca tatctgaggc 4980
atgtaaacc gttcgcactt cctgggggtg aatgggggtg ggtggggggg tgaaaaagg 5040
gggggggtta attgggcgtc cgcatgtctg tggtgtacgc caatcgata cactcttttg 5100

atctgcattc gcacttcccg ttttttcaact gtatggggtt tcatgttttg gcatgtgtcc	5160
aaccaccgtt cgcactttct ttctatatat atatatatat atatatatat atatagagaa	5220
agagagagag tttcttggtc gcgcgtgttc ccgcgatgtc gcggttttat ggggtgtggg	5280
cgggcttttc acagaatata tatattccaa atggagcggc aggcttttta aaatcgattt	5340
gacgtgataa aaaaaaacac acggggcccc cccctttttt tgggtgttata aaggcaaccc	5400
aatcgaaggt ctcccgcccc ggaatcccc attgccattt tacccaagta gccttattca	5460
tagatgtaaa cgtttgggtg tgtgttttgt tgtgcagggt tcgtccgatt cataacgcga	5520
cagcgtcgag tcggttttaa gggaaaaggt tactacggcc ccaaggac atg ttt tgc	5577
	Met Phe Cys
	1
acc tca ccg gct acg cgg ggc gac tcg tcc gag tca aaa ccc ggg gca	5625
Thr Ser Pro Ala Thr Arg Gly Asp Ser Ser Glu Ser Lys Pro Gly Ala	
5 10 15	
tcg gtt gat gtt aac gga aag atg gaa tat gga tct gca cca gga ccc	5673
Ser Val Asp Val Asn Gly Lys Met Glu Tyr Gly Ser Ala Pro Gly Pro	
20 25 30 35	
ctg aac ggc cgg gat acg tcg cgg ggc ccc ggc gcg ttt tgt act ccg	5721
Leu Asn Gly Arg Asp Thr Ser Arg Gly Pro Gly Ala Phe Cys Thr Pro	
40 45 50	
ggt tgg gag atc cac ccg gcc agg ctc gtt gag gac atc aac cgt gtt	5769
Gly Trp Glu Ile His Pro Ala Arg Leu Val Glu Asp Ile Asn Arg Val	
55 60 65	
ttt tta tgt att gca cag tcg tcg gga cgc gtc acg cga gat tca cga	5817
Phe Leu Cys Ile Ala Gln Ser Ser Gly Arg Val Thr Arg Asp Ser Arg	
70 75 80	
aga ttg cgg cgc ata tgc ctc gac ttt tat cta atg ggt cgc acc aga	5865
Arg Leu Arg Arg Ile Cys Leu Asp Phe Tyr Leu Met Gly Arg Thr Arg	
85 90 95	
cag cgt ccc acg tta gcg tgc tgg gag gaa ttg tta cag ctt caa ccc	5913
Gln Arg Pro Thr Leu Ala Cys Trp Glu Glu Leu Leu Gln Leu Gln Pro	
100 105 110 115	
acc cag acg cag tgc tta cgc gct act tta atg gaa gtg tcc cat cga	5961
Thr Gln Thr Gln Cys Leu Arg Ala Thr Leu Met Glu Val Ser His Arg	
120 125 130	

ccc cct cgg ggg gaa gac ggg ttc att gag gcg ccg aat gtt cct ttg Pro Pro Arg Gly Glu Asp Gly Phe Ile Glu Ala Pro Asn Val Pro Leu 135 140 145	6009
cat agg agc gca ctg gaa tgt gac gta tct gat gat ggt ggt gaa gac His Arg Ser Ala Leu Glu Cys Asp Val Ser Asp Asp Gly Gly Glu Asp 150 155 160	6057
gat agc gac gat gat ggg tct acg cca tcg gat gta att gaa ttt cgg Asp Ser Asp Asp Asp Gly Ser Thr Pro Ser Asp Val Ile Glu Phe Arg 165 170 175	6105
gat tcc gac gcg gaa tca tcg gac ggg gaa gac ttt ata gtg gaa gaa Asp Ser Asp Ala Glu Ser Ser Asp Gly Glu Asp Phe Ile Val Glu Glu 180 185 190 195	6153
gaa tca gag gag agc acc gat tct tgt gaa cca gac ggg gta ccc ggc Glu Ser Glu Glu Ser Thr Asp Ser Cys Glu Pro Asp Gly Val Pro Gly 200 205 210	6201
gat tgt tat cga gac ggg gat ggg tgc aac acc ccg tcc cca aag aga Asp Cys Tyr Arg Asp Gly Asp Gly Cys Asn Thr Pro Ser Pro Lys Arg 215 220 225	6249
ccc cag cgt gcc atc gag cga tac gcg ggt gca gaa acc gcg gaa tat Pro Gln Arg Ala Ile Glu Arg Tyr Ala Gly Ala Glu Thr Ala Glu Tyr 230 235 240	6297
aca gcc gcg aaa gcg ctc acc gcg ttg ggc gag ggg ggt gta gat tgg Thr Ala Ala Lys Ala Leu Thr Ala Leu Gly Glu Gly Gly Val Asp Trp 245 250 255	6345
aag cga cgt cga cac gaa gcc ccg cgc cgg cat gat ata ccg ccc ccc Lys Arg Arg Arg His Glu Ala Pro Arg Arg His Asp Ile Pro Pro Pro 260 265 270 275	6393
cat ggc gtg tag tctttataaaa taaataacaat ggtttggctc gtgtcttttt His Gly Val	6445
ttgatgtctg tctgtggggg agtgggggtgt tgtggatatt agagggtaga gggtgctggt	6505
ttgaacgtct ccattaaccc acgggggtccc cacacgggcc gtgtgggt atg aat ctc Met Asn Leu 280	6561
tgc gga tcc cgc ggt gag cac ccg ggc ggt gaa tat gcc gga ctt tac Cys Gly Ser Arg Gly Glu His Pro Gly Gly Glu Tyr Ala Gly Leu Tyr 285 290 295	6609

tgc aca cga cac gat acc ccc gcg cac cag gct ctc atg aac gac gcc Cys Thr Arg His Asp Thr Pro Ala His Gln Ala Leu Met Asn Asp Ala 300 305 310	6657
gaa cgg tac ttc gcc gcc gcg cta tgc gcc ata tct acc gag gcc tac Glu Arg Tyr Phe Ala Ala Ala Leu Cys Ala Ile Ser Thr Glu Ala Tyr 315 320 325	6705
gag gct ttt ata cac agc ccc tcc gag aga ccg tgc gcg agt ttg tgg Glu Ala Phe Ile His Ser Pro Ser Glu Arg Pro Cys Ala Ser Leu Trp 330 335 340 345	6753
ggg agg gca aag gac gcc ttc gga cgg atg tgc ggg gag ctc gca gcg Gly Arg Ala Lys Asp Ala Phe Gly Arg Met Cys Gly Glu Leu Ala Ala 350 355 360	6801
gat aga caa cgt cca ccc tcg gtt ccg ccg atc cgc aga gcg gtg tta Asp Arg Gln Arg Pro Pro Ser Val Pro Pro Ile Arg Arg Ala Val Leu 365 370 375	6849
tcg tta tta cgc gag caa tgc atg ccg gat cca caa tcg cat ctg gag Ser Leu Leu Arg Glu Gln Cys Met Pro Asp Pro Gln Ser His Leu Glu 380 385 390	6897
ctc agc gag cgg ctg ata ttg atg gca tat tgg tgc tgt ttg gga cac Leu Ser Glu Arg Leu Ile Leu Met Ala Tyr Trp Cys Cys Leu Gly His 395 400 405	6945
gcc gga ctt ccg act att gga ttg tcg ccc gat aat aaa tgc atc cgc Ala Gly Leu Pro Thr Ile Gly Leu Ser Pro Asp Asn Lys Cys Ile Arg 410 415 420 425	6993
gcc gaa tta tat gac cgc ccc ggg gga att tgt cac agg ctt ttt gac Ala Glu Leu Tyr Asp Arg Pro Gly Gly Ile Cys His Arg Leu Phe Asp 430 435 440	7041
gcg tac ctg ggc tgc ggg tcc ctt gga gtc cca aga acc tac gag aga Ala Tyr Leu Gly Cys Gly Ser Leu Gly Val Pro Arg Thr Tyr Glu Arg 445 450 455	7089
tcc tga caccatcc ctttatatag aaaaaaaaaa taaatttaaa acatacaccg Ser	7145
gataaaagcg tactgttttt tatttaaatt tacacgctcg gcgttgcccc gggttcggtga	7205
tcaccgggtc ttatctatat acaccgtgta actcgaaccc ccgtgactcc ctccaatcgc	7265
gttaccaaac tcttcttccg tatccgtaga ttccgagtcc tcgaaatcgt ccactggaag	7325

gccagcgtaa tacatgcttt gggtatacgg ggacttgtct accctatagg ctttaaccct 7385
cattcggttta gccgtacaga ttaaaaatat tacgagacat aaaagtacta ctgctgcaag 7445
ccctccggtc catgcggcat atcgtagaag tggtagacgtt ccgggggttta cgggggtaat 7505
ttccttgggt ttagtagtcg ccggtggctg accggccgtt ggcggaaatc cacgctcttc 7565
aattgcgttt acaaaatgat ctactgtgga tacaacagtg tatgctacgg cttcaacatg 7625
cccgttaaaa tacaccacaa aaacgtataa tcccgacaaa ctctcgggtg tatctacaaa 7685
ctttaacgtg gtgccccgt cgtgtaagat tagaccaaag ctaggctcca tatgagatat 7745
tcccagacaa tatgcggtgt agttatctgc atgttcacaa ttttgataca ctgtgcttgc 7805
aacacgtgg gctaaatgtg gcgaggtaaa tgtacaaccg gaattcatat gagagaggca 7865
ttgggggtgcg ttgggatgat acaaacacgt agaataaac cgcatgggtt gacatgtagg 7925
atcgatgggg acatacaacc actctaacag caaatcaaat ggcgcttcat gtatcttata 7985
ctgaagatgc attgccaagc taaacgtatc accaactgaa aatacatgcg agtggttaatt 8045
ccacatatga aactcagccc ctcttgggtg aggagttact gcgggcgtag ggtttcttgt 8105
tttttcatcc cttttccagg tgacaaaaaa cgtggcgtag gtagacgtac catcggagcc 8165
gcgcatgttc caaatgtaca cacccaagta ttgttttct gtccgaagta ctttcaagac 8225
acccggttca atctcggggg ggtctaattc gagttcatca aacagtgtgc tcgtgtttac 8285
aacaatccac gggtggtccg ctctcttctt accttgaaaa cggtaactga tttcggccaa 8345
ctgatectct ttagtatitt ccgcgcaatc cacatccacc accacgtctt gaaagcatgt 8405
tgtatgtttt aaacatatat gctggatggc gggcgctgcg tctcccgtac aggttaatga 8465
cggcaaaaag ctccaagtct cgggtgtaccg gactccataa atccgctgaa tcggtgcgcg 8525
taaagtaaac gggtgatttt ctccactga cacctcaatg agtctttggc cttgggggttt 8585
tggattaaga tctccittaa acacgtcacc gtattgacgt tggccacat ttacaatttt 8645
atgtctgtca tcgccgttta acgtaggat aacgtggatg cccgtatcgt cccaagatc 8705
ctcctgtgca gacatttgtg tgggttgcat taaccgttcc ccgctatcga taccacggcc 8765
ctgattatac acccatgggt gttcgtgtgc gttctctaaa aatccatcat aatcattacg 8825

tggccatata taaggtgagt tatgatcgta cgcttttcgc gaagactctc cccgatttac 8885
ccatgaagac tccgcatgat ctgaatggta gtaaggctca tatacggagt ttgtatccag 8945
tttgtcttca tcggtgtgaa aatcatcgta tcgcaagacg gatgctctga cccgattcgt 9005
tatacgcaac gttcccgiga taattccgaa ccccatcaat acccccacca caggtttatt 9065
aactgtcccc atattacagg cgaccctcgg aatatagtc cttaaaacca cgcaattcgc 9125
ccgagggtcta aaaccatgga ctgctctcgt gtataccagc tcggccttta aggcttcata 9185
aaacatcccc gcccaaagt gggcgtgta acttatagtt aggagattct taatccttcc 9245
cctcatatca caacgcgtaa tcaaaacgct aaataaaacg catatagttt attaatata 9305
aaatccggga taattagttc tatttaacaa acgggtttac aacggaatgt gggggggatt 9365
cttcgcgaat cgttgctagt tgtgcaatgg cggcctccaa catcacatcg gattctggtg 9425
tcgcattttg tatgccccit cttgtttttg tatttgggcg ataaattgga tgttttttaa 9485
ttctacgtcg cttaacgctt attacaataa caataacat ggcggtgagg atcatgacag 9545
acgtactat aggaataatt ataagtagat tttctggagg atcattaagg gacttttcgg 9605
gtaacgtgga catatccgtt ggatatacgt gattttctat cccctcctta acaacggact 9665
tagttttctg cgtaacaacg tcctcatgta accaagggtt atcctctaac gatttaccgg 9725
cacgaagatc aagcatatgt tgaacaggg aggtaccgga ccctttgggt gtcgcgggta 9785
aatcacaca acgagcttgt tgaaaaagg ctctttaga atatccattc tgtagagacg 9845
gagaagtgta gataaccccg tgaatgttgt gatgcgagcc cgctgtatat acatttacac 9905
caagaatgaa accatcggtg gatctgctat ggtctaaccg aacaagaagt acatacacac 9965
cagcatcatt tattcccgtt ttggtaattt tcaacattac accagcatcc ggctctgttg 10025
atatccgac cgttgagtta ccataatgcc acgaatgttt gtacctacac gaaataaaag 10085
cgctcgttct aatccgggga catccgtcgt atcttattac ttgtactgac cggaaacaaa 10145
acgccaccgt atccgcgtat aacagttcca gtgttccgct atagtttgtc ccggtaggta 10205
gttgctctcc aataaagaca agctgtcctt ttatctctgt ataattatca ttttgcattg 10265
gaataaggat agacgtgaga ctgctgttaa ctigcaagct cacgtgggtc cccttgaaga 10325

tcaaagcggtt ggtcacttgt atgtaaaata taacggccga tatcaaacat tggattaaaa 10385
acatcgcgat taaatgaggc gcaccagtat acccaactac accgaagagc agctctgtga 10445
gccgggggag gggacgcttt tcagcgctac tacaatgtta agaaaatgat cccgtgtttt 10505
atccttggtg taatggggcg tgactctgta ttaagtttct attggttatg ttatttatat 10565
tagtatttca aaacattgcg cgtttgtacc ctatttgcct taacgggtta tacgttataa 10625
acacaattta tacaatattt tattaacagg cttaatgaat tttaatctcc aacttcatt 10685
ggatttggat atggatcggg aagagtttgg aaaacagagt ggttaagcaa cacctctgct 10745
gatggtcgat gacgtgcgtc aaacgataac atcttacata tcaaatactc caaatcaatt 10805
ggcaactcat atagatttgt ccacaatggc ctggatccgg gttttcgaga agaccgtttt 10865
gccaaaccaa tgtattgtcg acgaagattt gatgtagggt taatgggaaa ttcattggga 10925
tgagtccag atcgtcgtat aataagttta atttgacgct cactgtcaca attgccatct 10985
aaaccgtctc gttaaataa cgagttctgt cctgtagcca tttcaaataa tacaatcccg 11045
gcactccata tgtccacggc aggtccatat ggatctctag ccaataactc aggagagttt 11105
gtggcgattg ttccagccca gccataatac ctgttggcat taatatccac ggggaaacac 11165
gctgctcaa agtctccac acaaacatca cctgggtggt taataaatat attttcagat 11225
tttatatcac ggtgaataat actgttatta tgaagatact gtaacgcgcg taatacagat 11285
cgctgaattg ctaaaatgtc acatatgggg aggttgcgct ttgcagctag atagcagtat 11345
aaatctgttc ggtaacgtgg taatataaga catgtcattt tgttatacgt aaacgttcct 11405
ttaagctgta caacggatgg gtgggttaac gctcttaaca cggttgcctc ggtggccgtt 11465
ccttgacgtt gacccgcttt aatgaccaca tggtcacatg ttttactgtc catacacgca 11525
aacgcaaac cttccgcccc tgggtgtaaac gtttttaata ttacaaatcc cgctttatta 11585
attccaacgc gtgcttctgc gcacaatgcc acagaggcct cggcttcagt ttcgtgtaca 11645
ccatcaaata tattaaaaga ctgtatatcc atgttaacgt cataattggg atcatcctca 11705
gattctatgc cgggcgacat ttcaactgga aacatctgtt gtataaacc acatgtttgc 11765
ataatatgtg acggtgatgt tgagatggcg ccacggaact ttccttgtcc acaaagggtg 11825

tctgtttgcat caacgtcgtt cattatactt gtataccccc acttatgttg atagtgttaa 11885
 tgaacccaaaa acctgttgtc caacaactgt acaaaatata ctcaccgaca cacttataaa 11945
 gtgatccgat tataagaggg cggagataat gacaaaaagg ggaggggtta aacataactt 12005
 acaaatatgg atttgattgt tcctaggatt attaataatg tctacatgtt ttatttaata 12065
 ataacgtaag gtaactttac ctctttgtga gaatgtcggg atagctgaca acgtttatga 12125
 aaacgcgcctt taaacgacct attgatgaat aatctagaat cttgcatgta tataaatatc 12185
 aaaaggtgtg gtattaaaca cttttaaact agcctgctgg ccttacaatc tggatttct 12244
 atg gcc gga caa aac acc atg gag ggt gag gcc gtg gcc tta ctg atg 12292
 Met Ala Gly Gln Asn Thr Met Glu Gly Glu Ala Val Ala Leu Leu Met
 460 465 470
 gaa gcg gtg gta acc ccg cga gcg caa cca aat aat aca acg ata aca 12340
 Glu Ala Val Val Thr Pro Arg Ala Gln Pro Asn Asn Thr Thr Ile Thr
 475 480 485 490
 gcc ata caa ccg agc cgt tcg gct gaa aag tgt tat tat agt gat agc 12388
 Ala Ile Gln Pro Ser Arg Ser Ala Glu Lys Cys Tyr Tyr Ser Asp Ser
 495 500 505
 gaa aat gaa acg gca gat gaa ttt ttg cgt cga att gga aaa tat caa 12436
 Glu Asn Glu Thr Ala Asp Glu Phe Leu Arg Arg Ile Gly Lys Tyr Gln
 510 515 520
 cat aaa ata tat cat cgt aaa aaa ttc tgt tat att acg cta ata att 12484
 His Lys Ile Tyr His Arg Lys Lys Phe Cys Tyr Ile Thr Leu Ile Ile
 525 530 535
 gtc ttt gta ttt gct atg acg gga gcg gcc ttt gcc ttg gga tat ata 12532
 Val Phe Val Phe Ala Met Thr Gly Ala Ala Phe Ala Leu Gly Tyr Ile
 540 545 550
 acg tca caa ttt gtt gga taa gtggacgatt tcgaggactc ggaatctacg 12583
 Thr Ser Gln Phe Val Gly
 555 560
 gatacgaag aagagtttgg taacgcgatt ggagggagtc acgggggttc gagttacacg 12643
 gtgtatatag ataagacccg gtgatcaccg aaccggggca acgccgagcg tgtaaattta 12703
 aataaaaaac agtacgcttt tatccggtgt atgttttaaa tttatttttt ttttctatat 12763
 aaagggatgg ggtgtcagga tctctcgtag gttcttggga ctccaaggga cccgcagccc 12823

aggtacgcgt caaaaagcct gtgacaaatt cccccggggc ggtcatataa ttcggcgcgg 12883
atgcatttat tatcgggcga caatccaata gtcggaagtc cggcgtgtcc caaacagcac 12943
caatatgcca tcaatatcag ccgctcgtg agctccagat gcgattgtgg atccggcatg 13003
cattgctcgc gtaataacga taacaccgct ctgcggatcg gcggaaccga ggggtggacgt 13063
tgtctatccg ctgcgagctc cccgcacatc cgtccgaagg cgtcctttgc cctccccac 13123
aaactcgcgc acggtctctc ggaggggctg tgtataaaag cctcgtaggc ctcggtagat 13183
atggcgcata gcgcggcggc gaagtaccgt tcggcgctgt tcatgagagc ctggtgcgcg 13243
ggggtatcgt gtcgtgtgca gtaaagtccg gcatattcac cgcccgggtg ctcaccgcgg 13303
gatccgcaga gattcatacc acacggcccg tgtggggacc ccgtgggtta atggagacgt 13363
tcaaaccagc accctctacc ctctaatac cacaacaccc cactcccca cagacagaca 13423
tcaaaaaaag acacgagcca aaccattgta tttatttata aagactacac gccatggggg 13483
ggcgtatat catgccggcg cggggcttcg tgtcgacgtc gttccaatc tacaccccc 13543
tcgccaacg cggtgagcgc tttcgcggct gtatattccg cggtttctgc acccgctat 13603
cgctcgatgg cacgctgggg tctctttggg gacggggtgt tgcacccatc cccgtctcga 13663
taacaatcg cgggtacccc gtctggttca caagaatcgg tgctctcctc tgattcttct 13723
tccactataa agtcttcccc gtccgatgat tccgcgtcgg aatcccgaat ttcaattaca 13783
tccgatggcg tagaccatc atcgctcgta tcgtcttcac caccatcatc agatacgtca 13843
cattccagtg cgctcctatg caaaggaaca ttcggcgcct caatgaaccc gtcttcccc 13903
cgagggggtc gatgggacac ttccattaaa gtagcgcgta agcactgcgt ctgggtgggt 13963
tgaagctgta acaattcctc ccagcacgct aacgtgggac gctgtctggt gcgaccatt 14023
agataaaagt cgaggcatat gcgccgaat cttcgtgaat ctgcgtgac gcgtcccgac 14083
gactgtgcaa tacataaaaa aacacggttg atgtcctcaa cgagcctggc cgggtggatc 14143
tccaacccg gagtacaaaa cgcgccgggg ccccgcgacg tatcccgcc gttcaggggt 14203
cctgggtgcag atccatattc catctttccg ttaacatcaa ccgatgcccc gggttttgac 14263
tcggacgagt cgccccgcgt agccggtgag gtgcaaaaca tgtccttggg gccgtagtaa 14323

ccctttccct taaaaccgac tcgacgctgt cgcgttatga atcggacgaa ccctgcacaa 14383
caaaacacac acccaaacgt ttacatctat gaataaggct acttgggtaa aatggcaatg 14443
ggggattccg gggcgggaga ccttcgattg ggttgccttt ataacaccaa aaaaaggggg 14503
gggccccgtg tgtttttttt tatcacgtca aatcgatttt aaaaagcctg ccgctccatt 14563
tggaatatat atattctgtg aaaagcccgc ccacacccca taaaaccgcg acatcgcggg 14623
aacacgcgcg aacaagaaac tctctctctt tctctatata tatatatata tatatatata 14683
tatatagaaa gaaagtgcga acggtggttg gacacatgcc aaaacatgaa aaccataca 14743
gtgaaaaaac gggaagtgcg aatgcagatc aaaagagtgt atccgattgg cgtacaccac 14803
agacatgcgg acgccaatt taaccccccc cttttttcac cccccaccc caccattc 14863
caccacagga agtgcgaacg ggtttacatg cctcagatat gaagttcttc gacttgtttt 14923
tgaataaatt tttttgtgat tttctacaac ggttttagaga attatggtta taaacatcgg 14983
cggggtaccg cgccccctcc ccatcggcgg ggtaccgcgc cccctccca tcggcggggt 15043
accgcgcccc ctccccatcg gcggggtacc gcgccccctc cccatcggcg gggtaccgcg 15103
ccccctccc atcggcgggg ggttacgtga acaccacaac cccgtgtgta ttttatgggt 15163
tatcgcgggc ttcgtgccgc ctgacataat cgttgggagg ggtggtggtg tatacgcttg 15223
ttgattgcgc gaacgtaatg acgacggaga gggacccaaa cacaccgtcg acgtgcattt 15283
gattaactag atgccgatg ggtggaaaca acccgtgtta tataagatgt tttgcatgtg 15343
agacaacccc aattgtgttt atgtatatta tatatcgtct gtagacacac gatgattggt 15403
tgttatttaa acatatgtaa atgaaattca catgtctggt atcccttggt atgatgttg 15463
aaggatatcg gaaatagaca ccgggcgtac atcgccaacc agcggctctt ccttaaacgc 15523
atactatggt ccatgaactt cccgcctcga gtctcgtcca atcactacat cgtcttatca 15583
ttaagaatat ttacacggtg acgacacggg gaggaatat gcggtcgagg ggggggcaca 15643
acacgtttta agtactgttg gaactccctc accaaccgca atcgcaatcc tttgaaggct 15703
gcgagagcgt ttggaaaact cgggtacgtc taaattcacc ccagtgcg atg gat acg 15760
Met Asp Thr

ccg ccg atg cag cgc tct aca ccc caa cgc gcg ggg tcg cct gat act Pro Pro Met Gln Arg Ser Thr Pro Gln Arg Ala Gly Ser Pro Asp Thr 565 570 575	15808
ttg gag tta atg gac ctg ttg gac gcg gcc gcg gcg gcc gcc gaa cac Leu Glu Leu Met Asp Leu Leu Asp Ala Ala Ala Ala Ala Ala Glu His 580 585 590 595	15856
agg gcc cgg gtg gtc acc tcg agt cag cct gac gat cta cta ttt gga Arg Ala Arg Val Val Thr Ser Ser Gln Pro Asp Asp Leu Leu Phe Gly 600 605 610	15904
gag aac ggg gtc atg gtg gga cgg gaa cac gag atc gtt tca att ccc Glu Asn Gly Val Met Val Gly Arg Glu His Glu Ile Val Ser Ile Pro 615 620 625	15952
tcc gta tcg gga ctt caa cca gaa ccc aga acg gaa gat gtt ggc gaa Ser Val Ser Gly Leu Gln Pro Glu Pro Arg Thr Glu Asp Val Gly Glu 630 635 640	16000
gag cta aca caa gac gac tac gta tgc gag gac ggt cag gat cta atg Glu Leu Thr Gln Asp Asp Tyr Val Cys Glu Asp Gly Gln Asp Leu Met 645 650 655	16048
ggc tcg cct gta atc ccg ctg gcc gag gtc ttc cac acc cga ttc tcg Gly Ser Pro Val Ile Pro Leu Ala Glu Val Phe His Thr Arg Phe Ser 660 665 670 675	16096
gag gcc ggc gcg cga gaa cca aca gga gcc gat cgc tcc ctt gag aca Glu Ala Gly Ala Arg Glu Pro Thr Gly Ala Asp Arg Ser Leu Glu Thr 680 685 690	16144
gtc tct ctc gga acg aag ctt gct agg tct cca aaa cca ccg atg aac Val Ser Leu Gly Thr Lys Leu Ala Arg Ser Pro Lys Pro Pro Met Asn 695 700 705	16192
gat ggg gaa acg ggc aga ggt acg acc cct ccg ttc ccg cag gcc ttc Asp Gly Glu Thr Gly Arg Gly Thr Thr Pro Pro Phe Pro Gln Ala Phe 710 715 720	16240
tcc cct gta tcc ccc gcg tct cct gtt gga gac gcc gcc ggg aac gat Ser Pro Val Ser Pro Ala Ser Pro Val Gly Asp Ala Ala Gly Asn Asp 725 730 735	16288
caa cgg gaa gac cag cgg tct ata ccc cga caa acg acg aga gga aat Gln Arg Glu Asp Gln Arg Ser Ile Pro Arg Gln Thr Thr Arg Gly Asn 740 745 750 755	16336
tca cca ggt ttg ccg tcg gtg gtc cat cga gac aga caa act cag tcc	16384

Ser	Pro	Gly	Leu	Pro	Ser	Val	Val	His	Arg	Asp	Arg	Gln	Thr	Gln	Ser	
				760					765					770		
atc	tcg	ggt	aaa	aag	ccg	ggc	gat	gag	caa	gcg	ggt	cat	gcg	cat	gca	16432
Ile	Ser	Gly	Lys	Lys	Pro	Gly	Asp	Glu	Gln	Ala	Gly	His	Ala	His	Ala	
			775					780					785			
tcg	ggg	gac	gga	gta	gtt	ctc	cag	aaa	act	caa	cgg	ccc	gct	cag	gga	16480
Ser	Gly	Asp	Gly	Val	Val	Leu	Gln	Lys	Thr	Gln	Arg	Pro	Ala	Gln	Gly	
		790					795					800				
aag	agc	ccg	aag	aaa	aag	act	ttg	aag	gtt	aag	gtc	cca	ctc	ccg	gcg	16528
Lys	Ser	Pro	Lys	Lys	Lys	Thr	Leu	Lys	Val	Lys	Val	Pro	Leu	Pro	Ala	
	805					810					815					
cgg	aaa	ccc	ggt	gga	cct	gta	ccc	ggc	ccg	gtt	gag	caa	ttg	tac	cac	16576
Arg	Lys	Pro	Gly	Gly	Pro	Val	Pro	Gly	Pro	Val	Glu	Gln	Leu	Tyr	His	
820					825					830					835	
gtc	ctt	tcg	gac	agc	gtt	ccc	gct	aag	ggg	gca	aag	gcg	gac	ctg	ccg	16624
Val	Leu	Ser	Asp	Ser	Val	Pro	Ala	Lys	Gly	Ala	Lys	Ala	Asp	Leu	Pro	
				840					845					850		
ttt	gag	acc	gat	gat	acc	cgc	cca	agg	aaa	cat	gat	gcc	cgg	ggt	ata	16672
Phe	Glu	Thr	Asp	Asp	Thr	Arg	Pro	Arg	Lys	His	Asp	Ala	Arg	Gly	Ile	
			855					860					865			
aca	cct	cgc	gtc	cct	gga	cgt	tcg	tcg	ggg	ggc	aaa	cct	aga	gcg	ttt	16720
Thr	Pro	Arg	Val	Pro	Gly	Arg	Ser	Ser	Gly	Gly	Lys	Pro	Arg	Ala	Phe	
		870					875					880				
ttg	gcc	ctg	ccg	gga	aga	tcc	cac	gca	cca	gac	ccg	att	gag	gat	gac	16768
Leu	Ala	Leu	Pro	Gly	Arg	Ser	His	Ala	Pro	Asp	Pro	Ile	Glu	Asp	Asp	
	885					890					895					
agc	cca	gtg	gag	aaa	aag	cca	aag	agt	cgt	gag	ttt	gtt	tcg	tct	tca	16816
Ser	Pro	Val	Glu	Lys	Lys	Pro	Lys	Ser	Arg	Glu	Phe	Val	Ser	Ser	Ser	
900					905					910					915	
tcc	tct	tcc	tcg	tcg	tgg	gga	tcg	tca	tcg	gag	gat	gaa	gac	gat	gaa	16864
Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Trp	Gly	Ser	Ser	Ser	Glu	Asp	Glu	Asp	Asp	Glu	
				920					925					930		
ccc	cgg	cgc	gtt	tcg	gtg	gga	agt	gaa	act	aca	ggc	agc	agg	tcc	gga	16912
Pro	Arg	Arg	Val	Ser	Val	Gly	Ser	Glu	Thr	Thr	Gly	Ser	Arg	Ser	Gly	
			935					940					945			
cgc	gaa	cac	gcc	cct	tcc	ccg	tca	aat	tcg	gat	gat	tcg	gac	tca	aat	16960
Arg	Glu	His	Ala	Pro	Ser	Pro	Ser	Asn	Ser	Asp	Asp	Ser	Asp	Ser	Asn	
		950					955						960			

gat ggt ggg tcg acg aaa caa aat atc caa ccg gga tat cga tcc atc Asp Gly Gly Ser Thr Lys Gln Asn Ile Gln Pro Gly Tyr Arg Ser Ile 965 970 975	17008
agc ggt ccc gat ccg agg att cgt aag acc aaa cgt ctt gcg ggg gaa Ser Gly Pro Asp Pro Arg Ile Arg Lys Thr Lys Arg Leu Ala Gly Glu 980 985 990 995	17056
ccg ggg cgc cag aga cag aaa tca ttt tcc ctg ccg cga tcc aga Pro Gly Arg Gln Arg Gln Lys Ser Phe Ser Leu Pro Arg Ser Arg 1000 1005 1010	17101
acc ccg ata att ccc ccg gtg tcg ggg ccg ctc atg atg ccc gac Thr Pro Ile Ile Pro Pro Val Ser Gly Pro Leu Met Met Pro Asp 1015 1020 1025	17146
gga agc cct tgg ccc gga tcg gca ccc ctc cca tcc aac agg gtg Gly Ser Pro Trp Pro Gly Ser Ala Pro Leu Pro Ser Asn Arg Val 1030 1035 1040	17191
cgg ttt gga ccg tcc ggg gag acc aga gag ggt cac tgg gag gat Arg Phe Gly Pro Ser Gly Glu Thr Arg Glu Gly His Trp Glu Asp 1045 1050 1055	17236
gag gct gtg aga gcg gcg cgg gct cgt tac gag gcc tca acg gaa Glu Ala Val Arg Ala Ala Arg Ala Arg Tyr Glu Ala Ser Thr Glu 1060 1065 1070	17281
ccc gtg ccg ctt tac gtg ccg gag ttg gga gat ccg gct aga cag Pro Val Pro Leu Tyr Val Pro Glu Leu Gly Asp Pro Ala Arg Gln 1075 1080 1085	17326
tac cgc gcg ctg att aac ctg atc tac tgt cca gac aga gac cct Tyr Arg Ala Leu Ile Asn Leu Ile Tyr Cys Pro Asp Arg Asp Pro 1090 1095 1100	17371
ata gca tgg ctc cag aac ccc aag ctg acc ggt gtc aac tcg gcc Ile Ala Trp Leu Gln Asn Pro Lys Leu Thr Gly Val Asn Ser Ala 1105 1110 1115	17416
ctg aac cag ttc tac caa aag ctg ttg cca ccg gga cgg gcg ggt Leu Asn Gln Phe Tyr Gln Lys Leu Leu Pro Pro Gly Arg Ala Gly 1120 1125 1130	17461
acc gcc gtt acg ggg agc gta gcg tct ccc gtt ccg cat gta ggc Thr Ala Val Thr Gly Ser Val Ala Ser Pro Val Pro His Val Gly 1135 1140 1145	17506
gaa gcc atg gcc acg ggg gag gcc ctc tgg gct ctc ccc cac gcg	17551

Glu Ala Met Ala Thr	Gly Glu Ala Leu Trp	Ala Leu Pro His Ala	
1150	1155	1160	
gcc gcg gcc gtg gct	atg agc cgt cga tac	gac cgg gcc caa aaa	17596
Ala Ala Ala Val Ala	Met Ser Arg Arg Tyr	Asp Arg Ala Gln Lys	
1165	1170	1175	
cac ttt atc cta cag	agt ctc cgc aga gcc	ttt gcc agc atg gca	17641
His Phe Ile Leu Gln	Ser Leu Arg Arg Ala	Phe Ala Ser Met Ala	
1180	1185	1190	
tac ccc gag gca acg	ggc tcc agt ccg gcg	gcg cgg atc tcc cgc	17686
Tyr Pro Glu Ala Thr	Gly Ser Ser Pro Ala	Ala Arg Ile Ser Arg	
1195	1200	1205	
ggt cac cct tct cca	aca acc ccg gcc aca	cag gct ccc gac cct	17731
Gly His Pro Ser Pro	Thr Thr Pro Ala Thr	Gln Ala Pro Asp Pro	
1210	1215	1220	
cag ccg tcg gcc gcc	gca cgc tct ctt tct	gtg tgt cca ccg gat	17776
Gln Pro Ser Ala Ala	Ala Arg Ser Leu Ser	Val Cys Pro Pro Asp	
1225	1230	1235	
gat cgt tta cga act	ccg cgc aag cgc aag	tcc cag cca gtc gag	17821
Asp Arg Leu Arg Thr	Pro Arg Lys Arg Lys	Ser Gln Pro Val Glu	
1240	1245	1250	
agc aga agc ctc ctc	gac aag att agg gag	aca ccc gtc gcg gac	17866
Ser Arg Ser Leu Leu	Asp Lys Ile Arg Glu	Thr Pro Val Ala Asp	
1255	1260	1265	
gcc cgg gtt gca gac	gat cat gtg gtt tcc	aag gcc aag agg cgg	17911
Ala Arg Val Ala Asp	Asp His Val Val Ser	Lys Ala Lys Arg Arg	
1270	1275	1280	
gta tcc gag ccc gtg	acc atc acc tcg ggc	cct gtg gtg gat ccc	17956
Val Ser Glu Pro Val	Thr Ile Thr Ser Gly	Pro Val Val Asp Pro	
1285	1290	1295	
ccc gcc gta ata acg	atg cca ctt gac gga	ccg gcc cca aac ggg	18001
Pro Ala Val Ile Thr	Met Pro Leu Asp Gly	Pro Ala Pro Asn Gly	
1300	1305	1310	
gga ttt cgg cgt att	ccc cgg ggg gcc ctg	cat acc ccg gtc ccg	18046
Gly Phe Arg Arg Ile	Pro Arg Gly Ala Leu	His Thr Pro Val Pro	
1315	1320	1325	
tcg gac cag gct cgc	aag gcg tac tgt acc	ccc gaa acc atc gcc	18091
Ser Asp Gln Ala Arg	Lys Ala Tyr Cys Thr	Pro Glu Thr Ile Ala	
1330	1335	1340	

cgt ctg gtc gac gac	cca ttg ttt ccc acg	gcc tgg cgc cct gcg	18136
Arg Leu Val Asp Asp	Pro Leu Phe Pro Thr	Ala Trp Arg Pro Ala	
1345	1350	1355	
cta agc ttt gat ccc	ggc gcc ttg gcg gaa	atc gcc gct cgg cgt	18181
Leu Ser Phe Asp Pro	Gly Ala Leu Ala Glu	Ile Ala Ala Arg Arg	
1360	1365	1370	
ccg ggc gga gga gac	cga cgg ttt ggt cca	ccc agc gga gtg gag	18226
Pro Gly Gly Gly Asp	Arg Arg Phe Gly Pro	Pro Ser Gly Val Glu	
1375	1380	1385	
gcg ctg cga cgg agg	tgc gcc tgg atg cgg	cag atc cca gac ccg	18271
Ala Leu Arg Arg Arg	Cys Ala Trp Met Arg	Gln Ile Pro Asp Pro	
1390	1395	1400	
gag gat gtg agg ctt	ctg atc atc tac gat	ccg ttg ccc gga gag	18316
Glu Asp Val Arg Leu	Leu Ile Ile Tyr Asp	Pro Leu Pro Gly Glu	
1405	1410	1415	
gac atc aac ggc ccc	ctc gag agc acc ctc	gcg aca gat ccg gga	18361
Asp Ile Asn Gly Pro	Leu Glu Ser Thr Leu	Ala Thr Asp Pro Gly	
1420	1425	1430	
ccg tca tgg agt cca	tcc cga ggg gga ctg	tct gtg gtc ctg gca	18406
Pro Ser Trp Ser Pro	Ser Arg Gly Gly Leu	Ser Val Val Leu Ala	
1435	1440	1445	
gcc ctg agt aac cgg	ttg tgc ctg ccg agc	act cat gcc tgg gcc	18451
Ala Leu Ser Asn Arg	Leu Cys Leu Pro Ser	Thr His Ala Trp Ala	
1450	1455	1460	
ggg aac tgg acc ggc	ccg ccg gac gtg tcc	gct ttg aac gcc cgg	18496
Gly Asn Trp Thr Gly	Pro Pro Asp Val Ser	Ala Leu Asn Ala Arg	
1465	1470	1475	
ggc gtt tta tta ctg	tcg acc cga gac ctg	gcc ttt gcc ggg gcc	18541
Gly Val Leu Leu Leu	Ser Thr Arg Asp Leu	Ala Phe Ala Gly Ala	
1480	1485	1490	
gtc gag tat cta ggc	tcg cgg ttg gcc tct	gcc cgg cgc cgg ttg	18586
Val Glu Tyr Leu Gly	Ser Arg Leu Ala Ser	Ala Arg Arg Arg Leu	
1495	1500	1505	
ctg gtg ttg gac gcg	gtg gcc ctc gag agg	tgg ccc agg gat gga	18631
Leu Val Leu Asp Ala	Val Ala Leu Glu Arg	Trp Pro Arg Asp Gly	
1510	1515	1520	
ccc gct ttg tct cag	tat cac gtg tac gtc	cgg gcc ccg gcg cga	18676

Pro	Ala	Leu	Ser	Gln	Tyr	His	Val	Tyr	Val	Arg	Ala	Pro	Ala	Arg	
				1525					1530					1535	
ccg	gac	gcc	cag	gcc	gtc	gtc	cga	tgg	cca	gac	tcg	gcg	gtc	aca	18721
Pro	Asp	Ala	Gln	Ala	Val	Val	Arg	Trp	Pro	Asp	Ser	Ala	Val	Thr	
				1540					1545					1550	
gaa	gga	ctc	gcc	cgg	gcc	gtg	ttt	gca	tcg	tcg	cgc	acc	ttt	ggg	18766
Glu	Gly	Leu	Ala	Arg	Ala	Val	Phe	Ala	Ser	Ser	Arg	Thr	Phe	Gly	
				1555					1560					1565	
cca	gcg	agt	ttt	gct	cgt	atc	gag	act	gcg	ttt	gcc	aac	ctg	tac	18811
Pro	Ala	Ser	Phe	Ala	Arg	Ile	Glu	Thr	Ala	Phe	Ala	Asn	Leu	Tyr	
				1570					1575					1580	
ccg	ggc	gaa	caa	ccc	ctg	tgt	ttg	tgc	cgc	ggt	ggg	aac	gtc	gca	18856
Pro	Gly	Glu	Gln	Pro	Leu	Cys	Leu	Cys	Arg	Gly	Gly	Asn	Val	Ala	
				1585					1590					1595	
tac	acc	gtg	tgt	acc	cgc	gcg	ggc	ccc	aag	acc	cgc	gtc	ccc	ctg	18901
Tyr	Thr	Val	Cys	Thr	Arg	Ala	Gly	Pro	Lys	Thr	Arg	Val	Pro	Leu	
				1600					1605					1610	
tcg	ccc	cgt	gaa	tac	cgg	cag	tac	gtg	ctg	ccg	ggt	ttt	gac	ggt	18946
Ser	Pro	Arg	Glu	Tyr	Arg	Gln	Tyr	Val	Leu	Pro	Gly	Phe	Asp	Gly	
				1615					1620					1625	
tgc	aag	gac	ctc	gcg	cga	cag	tct	cgg	ggt	ctg	ggg	ctc	ggg	gca	18991
Cys	Lys	Asp	Leu	Ala	Arg	Gln	Ser	Arg	Gly	Leu	Gly	Leu	Gly	Ala	
				1630					1635					1640	
gcc	gac	ttt	gtg	gac	gag	gcg	gca	cat	agc	cac	cgc	gca	gca	aac	19036
Ala	Asp	Phe	Val	Asp	Glu	Ala	Ala	His	Ser	His	Arg	Ala	Ala	Asn	
				1645					1650					1655	
cga	tgg	ggc	ctg	ggt	gcc	gcg	ctt	cga	ccc	gtc	ttc	ctt	ccc	gag	19081
Arg	Trp	Gly	Leu	Gly	Ala	Ala	Leu	Arg	Pro	Val	Phe	Leu	Pro	Glu	
				1660					1665					1670	
gga	cgg	aga	ccg	ggg	gcc	gcc	ggg	ccg	gag	gcc	ggc	gac	gta	ccc	19126
Gly	Arg	Arg	Pro	Gly	Ala	Ala	Gly	Pro	Glu	Ala	Gly	Asp	Val	Pro	
				1675					1680					1685	
acc	tgg	gcg	agg	gtg	ttt	tgc	cgc	cac	gcc	ctg	ctg	gaa	ccc	gac	19171
Thr	Trp	Ala	Arg	Val	Phe	Cys	Arg	His	Ala	Leu	Leu	Glu	Pro	Asp	
				1690					1695					1700	
cct	gcc	gca	gaa	cca	ctc	gtg	ctt	cca	ccc	gtg	gcc	ggt	cgg	tcg	19216
Pro	Ala	Ala	Glu	Pro	Leu	Val	Leu	Pro	Pro	Val	Ala	Gly	Arg	Ser	
				1705					1710					1715	

gtg gcg ctg tat gcg	tcg gcg gac gag gct	cgg aat gcc ctc ccc	19261
Val Ala Leu Tyr Ala	Ser Ala Asp Glu Ala	Arg Asn Ala Leu Pro	
1720	1725	1730	
ccg att ccc aga gta	atg tgg ccg ccc ggt	ttt ggg gcc gcg gag	19306
Pro Ile Pro Arg Val	Met Trp Pro Pro Gly	Phe Gly Ala Ala Glu	
1735	1740	1745	
acg gtg ttg gag ggg	agc gac gga aca cgg	ttc gtg ttc gga cac	19351
Thr Val Leu Glu Gly	Ser Asp Gly Thr Arg	Phe Val Phe Gly His	
1750	1755	1760	
cac ggg ggc tcg gaa	cgg ccg tca gaa acc	cag gcg ggg cga cag	19396
His Gly Gly Ser Glu	Arg Pro Ser Glu Thr	Gln Ala Gly Arg Gln	
1765	1770	1775	
cgg cgc acc gca gac	gac aga gaa cac gct	ttg gag ctg gac gat	19441
Arg Arg Thr Ala Asp	Asp Arg Glu His Ala	Leu Glu Leu Asp Asp	
1780	1785	1790	
tgg gag gtg ggg tgt	gaa gac gcg tgg gac	agc gag gag ggg ggc	19486
Trp Glu Val Gly Cys	Glu Asp Ala Trp Asp	Ser Glu Glu Gly Gly	
1795	1800	1805	
ggg gac gac ggg gac	gca ccg ggg tca tcc	ttt ggg gtg agc atc	19531
Gly Asp Asp Gly Asp	Ala Pro Gly Ser Ser	Phe Gly Val Ser Ile	
1810	1815	1820	
gtg tcg gtg gcc ccg	ggt gtg ctg cga gac	cgc ccg gtg ggt ttg	19576
Val Ser Val Ala Pro	Gly Val Leu Arg Asp	Arg Arg Val Gly Leu	
1825	1830	1835	
cgc ccg gcg gtc aag	gtg gag ctg ttg tcc	tcg tcc tcg tcc tcc	19621
Arg Pro Ala Val Lys	Val Glu Leu Leu Ser	Ser Ser Ser Ser Ser	
1840	1845	1850	
gag gac gag gac gat	gtg tgg gga ggg cgc	ggg ggg agg agc ccc	19666
Glu Asp Glu Asp Asp	Val Trp Gly Gly Arg	Gly Gly Arg Ser Pro	
1855	1860	1865	
ccg cag agt cgg ggg	tga cggagtcctc	gtgagcgcca	19714
Pro Gln Ser Arg Gly			
1870			
ctggcgcgcg gactgtttgt	tgtaataaaa agcggacgg	tttttatgaa aaaagtgtct	19774
gtctgtctgt gcgggcgggc	gacgggcggg ctggtcggac	cccccccgaa aaataacccc	19834
cccccggttt ctgggcgccc	ggcggacccc gggagaggag	gccagccctc tcgcggcccc	19894

ctcgagagag aaaaaaaaaa gcgaccccccac ctccccgcgc gtttgcgggg cgaccatcgg 19954

gggggacttg cattacccta tcccagtatt gtttgtacgc ctctaattgga gtaactgtcc 20014

caatacaccg gacttcctat atacagtgtt tttgtttgtg gacttacctt tatttacggg 20074

tattacaggg gggtggagaa atgtcttcgt atcgtctttt atctaaataa agacagaatc 20134

taaaatgtca cttagctgta taccggcccc aagggttatac caatcaactt ccctgtttgt 20194

tgggactgtc cgcctacccc aatacacatt ttataccccc gttttagtgg gtgggactta 20254

aaagaaatgg gtggagggat ataggggtgt gtcttcgttg gtaccaatta taaaaatgta 20314

ctcgccacaa ctcaaatctt agaacgcatt gcagttctgc tacgtgtttg gatgcccggg 20374

cattagaata cagccagttg ttacc atg gat acc ata tta gcg ggc ggt agc 20426
Met Asp Thr Ile Leu Ala Gly Gly Ser
1875

ggc acc tcc gac gct tcg gat aat acc tgc acc ata tgc atg agc 20471
Gly Thr Ser Asp Ala Ser Asp Asn Thr Cys Thr Ile Cys Met Ser
1880 1885 1890

acc gtt tcc gat ctc gga aaa acc atg ccg tgt ttg cac gac ttc 20516
Thr Val Ser Asp Leu Gly Lys Thr Met Pro Cys Leu His Asp Phe
1895 1900 1905

tgc ttt gtt tgt att cgg gca tgg acc tcc acc agc gtc cag tgt 20561
Cys Phe Val Cys Ile Arg Ala Trp Thr Ser Thr Ser Val Gln Cys
1910 1915 1920

cct ctc tgc cgg tgt cca gtg caa tcc atc ctg cat aag atc gta 20606
Pro Leu Cys Arg Cys Pro Val Gln Ser Ile Leu His Lys Ile Val
1925 1930 1935

agt gat aca agt tac aag gaa tat gaa gtg cac cca tcc gac gac 20651
Ser Asp Thr Ser Tyr Lys Glu Tyr Glu Val His Pro Ser Asp Asp
1940 1945 1950

gat ggt ttt tct gag ccg tca ttt gaa gat tcc atc gac atc cta 20696
Asp Gly Phe Ser Glu Pro Ser Phe Glu Asp Ser Ile Asp Ile Leu
1955 1960 1965

ccg gga gat gtc ata gat ctt ctg cca cca agc cca gga ccg agt 20741
Pro Gly Asp Val Ile Asp Leu Leu Pro Pro Ser Pro Gly Pro Ser
1970 1975 1980

cgg gag tcc atc caa cag cca aca tca aga tcg agt cgg gag ccc 20786

Arg 1985	Glu	Ser	Ile	Gln	Gln	Pro	Thr	Ser	Arg	Ser	Ser	Arg	Glu	Pro
						1990				1995				
att	caa	tca	cca	aac	cct	ggg	ccc	ctt	caa	tcg	tcg	gct	aga	gag
Ile	Gln	Ser	Pro	Asn	Pro	Gly	Pro	Leu	Gln	Ser	Ser	Ala	Arg	Glu
2000					2005					2010				20831
ccc	aca	gca	gag	tca	cca	agt	gac	tct	caa	cag	gat	tct	ata	caa
Pro	Thr	Ala	Glu	Ser	Pro	Ser	Asp	Ser	Gln	Gln	Asp	Ser	Ile	Gln
2015					2020					2025				20876
cca	ccg	acc	cga	gac	tcg	agc	cct	ggg	gta	acc	aaa	aca	tgc	tct
Pro	Pro	Thr	Arg	Asp	Ser	Ser	Pro	Gly	Val	Thr	Lys	Thr	Cys	Ser
2030					2035					2040				20921
acc	gca	tca	ttt	tta	cgg	aag	gta	ttt	ttt	aaa	gac	caa	cct	gct
Thr	Ala	Ser	Phe	Leu	Arg	Lys	Val	Phe	Phe	Lys	Asp	Gln	Pro	Ala
2045					2050					2055				20966
gtt	cga	tcg	gcg	acc	ccg	gtg	gtg	tat	ggc	tcg	att	gaa	tct	gca
Val	Arg	Ser	Ala	Thr	Pro	Val	Val	Tyr	Gly	Ser	Ile	Glu	Ser	Ala
2060					2065					2070				21011
cag	caa	ccc	cgg	acc	ggg	ggg	cag	gac	tac	cgt	gat	cgt	cca	gta
Gln	Gln	Pro	Arg	Thr	Gly	Gly	Gln	Asp	Tyr	Arg	Asp	Arg	Pro	Val
2075					2080					2085				21056
tct	gtg	gga	att	aat	caa	gac	cca	cga	acc	atg	gac	aga	ctg	cct
Ser	Val	Gly	Ile	Asn	Gln	Asp	Pro	Arg	Thr	Met	Asp	Arg	Leu	Pro
2090					2095					2100				21101
ttt	cga	gcc	acg	gat	aga	gga	aca	gag	gga	aac	gcg	aga	ttc	ccg
Phe	Arg	Ala	Thr	Asp	Arg	Gly	Thr	Glu	Gly	Asn	Ala	Arg	Phe	Pro
2105					2110					2115				21146
tgt	tac	atg	caa	cct	tta	ctc	gga	tgg	ctt	gat	gat	caa	ctt	gcg
Cys	Tyr	Met	Gln	Pro	Leu	Leu	Gly	Trp	Leu	Asp	Asp	Gln	Leu	Ala
2120					2125					2130				21191
gaa	ctg	tat	caa	ccc	gaa	att	gta	gag	cct	aca	aaa	atg	ttg	ata
Glu	Leu	Tyr	Gln	Pro	Glu	Ile	Val	Glu	Pro	Thr	Lys	Met	Leu	Ile
2135					2140					2145				21236
tta	aac	tat	ata	ggg	att	tac	ggg	cgt	gat	gag	gcg	gga	tta	aaa
Leu	Asn	Tyr	Ile	Gly	Ile	Tyr	Gly	Arg	Asp	Glu	Ala	Gly	Leu	Lys
2150					2155					2160				21281
aca	tcc	ctg	cgt	tgt	ctt	ttg	cat	gat	tca	aca	gga	ccg	ttt	gta
Thr	Ser	Leu	Arg	Cys	Leu	Leu	His	Asp	Ser	Thr	Gly	Pro	Phe	Val
2165					2170					2175				21326

aca Thr 2180	aac atg tta ttc ttg Asn Met Leu Phe Leu	ttg Leu	ttg gat cga tgt acc Leu Asp Arg Cys Thr	gat cca acc cgc Asp Pro Thr Arg	21371
cta Leu 2195	acc atg caa acc tgg Thr Met Gln Thr Trp	acc tgg aaa gat Thr Trp Lys Asp Thr	aca Thr	gcc atc caa cta Ala Ile Gln Leu	21416
att Ile 2210	aca ggt cca att gta Thr Gly Pro Ile Val	aga cca gaa acc Arg Pro Glu Thr	acc Thr	tca acc ggg gag Ser Thr Gly Glu	21461
acc Thr 2225	tct cgt ggc gat gaa Ser Arg Gly Asp Glu	agg gat acc cga ttg Arg Asp Thr Arg Leu	gta aat aca ccc Val Asn Thr Pro		21506
caa Gln 2240	aaa gtc agg ctt ttt Lys Val Arg Leu Phe	tct gtg tta ccg ggg Ser Val Leu Pro Gly	att aaa ccg gga Ile Lys Pro Gly		21551
agc Ser 2255	gca agg ggt gct aag Ala Arg Gly Ala Lys	cgc cgt tta ttt cat Arg Arg Leu Phe His	acc ggc aga gac Thr Gly Arg Asp		21596
gtt Val 2270	aaa cga tgc tta aca Lys Arg Cys Leu Thr	ata gac ctg aca tct Ile Asp Leu Thr Ser	gag tct gat tcg Glu Ser Asp Ser		21641
gca Ala 2285	tgt aag gga agt aaa Cys Lys Gly Ser Lys	acc cgc aaa gtt gcc Thr Arg Lys Val Ala	tct cca cag ggg Ser Pro Gln Gly		21686
gag Glu 2300	tcc aat acc ccc tcc Ser Asn Thr Pro Ser	acc tcc gga tca aca Thr Ser Gly Ser Thr	tca ggt tca ctg Ser Gly Ser Leu		21731
aaa Lys 2315	cac ctt acc aaa aaa His Leu Thr Lys Lys	agc tct gcc ggt aaa Ser Ser Ala Gly Lys	gcg ggt aaa ggt Ala Gly Lys Gly		21776
att Ile 2330	cca aac aag atg aag Pro Asn Lys Met Lys	aag tcc tag tttgttggga Lys Ser	gggggaagga		21823
aatgccttaa acatccacag tctgctttat taccaactgt atgtaaatta tgatcattaa					21883
acgtgcattt taaaaatacc tgagtgttgc tattggctcgt aagggttggt atatctggaa					21943
cccaagggtgt aaatactgcc ccctggtaag tccgtacacg attcggaatg cccgcaatcc					22003

ggtctcggag taaccggggc atcctgctct gcaaatacaa taaacataac agtctaacag 22063
tacgcatgtg ctgtcgtgaag cgctccgccc taaattacaa aaatttgaga ttacgctcaa 22123
tacttgtcac cgittgtatt tatacacctc tacgggagca aactaaaggt atacttggag 22183
atgcaaccaa ggccgagttg agacgggaaa attagaagct gtttttccag cggcaaaaat 22243
catccggttt gggtatgtct tatagcaatt aaagttatta aaatggccgg aaggtggcgg 22303
gggtggtgaa ggcgagggtg aagcaaactt gcggggggat aaaaggcata tatgttacia 22363
aatacgcacg caaatataaa ttttagtttt gtacttacag taaaggcaac ggtgttttcg 22423
gtttaggcag ccggacccgt ttaaaatgcc aactggatag tctgcaagga ggaaacgctg 22483
ctgcaatgag tcaggttttt aggtgaatta ggtatgatgc atcatttttg ttaatggact 22543
ttaatggat tgaaacggat agaaggaaac gtgtagcata atggatattg gttgatattt 22603
taagcacgct gccaagtacg cactaagaat gcttagaaat atttaaactg aaatgcgtgg 22663
gtttggcaaa cgttaccgta aatcaatctc agatccaagg gataatggcc gttgggcagg 22723
cctccaaaag gcaatttgag cgttttaagt ttgggggtacg tttttaagc ttgattggca 22783
aacgttaccg caaatcaatc ttagatccaa gggataatgg ccgttgggca ggcctccaaa 22843
aggcaatttg agcgttttca gtccgcttga aaacgggtcta agtattttgcc gtaaatgacc 22903
gcgagaggta taatataaac atctgttttc ccgatgacgt gttaagaaaa gtgattatat 22963
cagataacgg gggactgtaa agcttaatac gtgacatgtg attgggtgta taaatactac 23023
atccaaatct tgcatggaaa ttcgctttgt cggcacgccg tgacgtttga catattaaga 23083
tcgccctttt taggaaaatg agatatgaca ccaagagttt aactaaaggc caactgtata 23143
tataaaactc atacttgtcc atgcttccat tagagtggtc aagtttttca aaggatacga 23203
caacgtcgta gtgaaggga aacacaagcg tcatggcatc acataaatgg ttactgcaga 23263
tagttttttt aaaaactatc acaatcgcggt attgtcttca tctccaagac gacactccgt 23323
tgtttttttg agccaaaccg ctatcggtatg tgagtttgat tataacggaa ccgtgcgtgt 23383
catcggtata tgaggcgtgg gactatgcgg ccccccggt atcaaactc agcgaggcgc 23443
tatcggaat cgtggttaag acaaaatgtc cagtaccgga agttatactt tggttttaag 23503

acaaacaaat ggcgtactgg acaaatccat acgtcacctt aaaggggctg gcacaatctg	23563
ttgggtgaaga acataaaagc ggggacatac gcgatgcttt gttggatgcc ctttccgggtg	23623
tatgggtaga ctctactcca tcttccacaa atatcccgga aa atg gat gtg tct	23677
Met Asp Val Ser	2340
ggg gag ccg acc gtt tgt tcc aac gcg tat gcc aat gaa atg aaa	23722
Gly Glu Pro Thr Val Cys Ser Asn Ala Tyr Ala Asn Glu Met Lys	2345 2350 2355
cta tcg gat tca aag gac att tat gtt ttg gcc cat ccg gtt acc	23767
Leu Ser Asp Ser Lys Asp Ile Tyr Val Leu Ala His Pro Val Thr	2360 2365 2370
aaa aaa acc cgc aag cga ccc cgc ggg ctg cct ttg ggg gtt aag	23812
Lys Lys Thr Arg Lys Arg Pro Arg Gly Leu Pro Leu Gly Val Lys	2375 2380 2385
cta gac ccc cca acc ttc aag tta aat aac atg tca cat cat tac	23857
Leu Asp Pro Pro Thr Phe Lys Leu Asn Asn Met Ser His His Tyr	2390 2395 2400
gac acg gaa acg ttc acc ccc gtc tct tcg caa ctg gat tcg gtt	23902
Asp Thr Glu Thr Phe Thr Pro Val Ser Ser Gln Leu Asp Ser Val	2405 2410 2415
gaa gtt ttc agc aag ttt aac att tcc cct gag tgg tat gac ctg	23947
Glu Val Phe Ser Lys Phe Asn Ile Ser Pro Glu Trp Tyr Asp Leu	2420 2425 2430
ttg tcg gac gaa ctt aaa gag ccg tac gcg aaa ggt att ttt tta	23992
Leu Ser Asp Glu Leu Lys Glu Pro Tyr Ala Lys Gly Ile Phe Leu	2435 2440 2445
gaa tac aat cgt ctt tta aat tca ggg gaa gaa ata ctt cca tct	24037
Glu Tyr Asn Arg Leu Leu Asn Ser Gly Glu Glu Ile Leu Pro Ser	2450 2455 2460
aca ggc gat att ttt gca tgg acg cga ttt tgc gga ccc cag agc	24082
Thr Gly Asp Ile Phe Ala Trp Thr Arg Phe Cys Gly Pro Gln Ser	2465 2470 2475
att cgc gtt gta att att ggt caa gat cca tac cct acc gcg gga	24127
Ile Arg Val Val Ile Ile Gly Gln Asp Pro Tyr Pro Thr Ala Gly	2480 2485 2490
cat gca cat ggg cta gcg ttt agt gta aaa cgt ggc ata aca cca	24172

His	Ala	His	Gly	Leu	Ala	Phe	Ser	Val	Lys	Arg	Gly	Ile	Thr	Pro	
			2495					2500					2505		
ccg	tct	agt	ctt	aaa	aat	att	ttt	gcg	gcc	ctc	atg	gaa	tca	tac	24217
Pro	Ser	Ser	Leu	Lys	Asn	Ile	Phe	Ala	Ala	Leu	Met	Glu	Ser	Tyr	
			2510					2515					2520		
cca	aat	atg	act	ccg	ccc	act	cac	gga	tgc	ctg	gag	agt	tgg	gca	24262
Pro	Asn	Met	Thr	Pro	Pro	Thr	His	Gly	Cys	Leu	Glu	Ser	Trp	Ala	
			2525					2530					2535		
agg	cag	ggg	gtg	tta	ttg	ctg	aat	acc	acg	ctt	acg	gtt	cgt	cgc	24307
Arg	Gln	Gly	Val	Leu	Leu	Leu	Asn	Thr	Thr	Leu	Thr	Val	Arg	Arg	
			2540					2545					2550		
ggg	act	ccg	ggg	tcg	cat	gta	tac	tta	ggc	tgg	ggg	cgg	ctg	gtg	24352
Gly	Thr	Pro	Gly	Ser	His	Val	Tyr	Leu	Gly	Trp	Gly	Arg	Leu	Val	
			2555					2560					2565		
caa	cgc	gtg	cta	cag	agg	tta	tgc	gag	aac	cgt	aca	ggg	tta	gtt	24397
Gln	Arg	Val	Leu	Gln	Arg	Leu	Cys	Glu	Asn	Arg	Thr	Gly	Leu	Val	
			2570					2575					2580		
ttt	atg	ctg	tgg	ggt	gcg	cat	gca	cag	aag	aca	acc	caa	ccg	aat	24442
Phe	Met	Leu	Trp	Gly	Ala	His	Ala	Gln	Lys	Thr	Thr	Gln	Pro	Asn	
			2585					2590					2595		
tca	aga	tgt	cat	ctg	gtg	cta	aca	cac	gcg	cat	ccg	tcg	cca	ttg	24487
Ser	Arg	Cys	His	Leu	Val	Leu	Thr	His	Ala	His	Pro	Ser	Pro	Leu	
			2600					2605					2610		
tcc	cgt	gtt	cca	ttt	cgg	aat	tgt	cga	cat	ttc	gtt	caa	gcc	aat	24532
Ser	Arg	Val	Pro	Phe	Arg	Asn	Cys	Arg	His	Phe	Val	Gln	Ala	Asn	
			2615					2620					2625		
gag	tat	ttt	acg	cgt	aaa	ggc	gaa	ccc	gag	atc	gat	tgg	agt	gtt	24577
Glu	Tyr	Phe	Thr	Arg	Lys	Gly	Glu	Pro	Glu	Ile	Asp	Trp	Ser	Val	
			2630					2635					2640		
ata	taa	cactccaatc	gaccctcttg	cgtaccataa	tgttttcgga	gttgccctcct									24633
Ile															
tccgtaccga	cggcattgct	tcaatgggggt	tggggattgc	atcgtggacc	gtgttcgatc										24693
ccaaatttta	aacaggtagc	cagccaacac	agtgttcaga	acgattttac	agaaaatagc										24753
gttgatgcaa	atgaaaaatt	tccgattggg	cacgcgggct	gtattgagaa	aaccaaagac										24813
gactatgtac	catttgatac	gttgttcatg	gtatcatcta	ttgacgaact	tgggcggaga										24873

出証特 2 0 0 5 - 3 0 3 5 3 8 5

gatgaaaagt cagtagaaca gtctatgggt agcagggtca ctgtatgggt gtgttgaagg 25994
acgatcatac caccgtcat tgtatcacat cgagcgtccg tcttcaccgc cattgatcctt 26054
gacccacccg taaatgcgta gagtgtttgt tcatgatccg gtaaagtcca gtgaagaacc 26114
cgcctaacc catgtaacct atataaaata aacgtcgttg ggggtccaga gatgctcatg 26174
gcgggtgtat ttaagacaaa acctagaaat gagaacagca agcccgcatg cgtgttttta 26234
tacaatgctt taatacacia cgtgtacgtt gggatcacgt agagcggcaa gaatgtgatc 26294
gctaatttct gcggattttt catatcgttc ccgtagagggt tttagattca tttttaagaa 26354
cctagaggag accgtacgcg acatggcaac atacacacta tttaggcgca gtttatccgc 26414
cgtaaacag atagctacct tctctaaact cagaccctgt gagcgtgcaa ttgtcatggc 26474
tagtttagaa ctaaggccat agtccaccgt ggtggccatt gccaattctg catcctctat 26534
agactcggta aattcacata cgtagcgtt tacgatggac acaaaccat gttgatcctg 26594
taagaccata agaggtagt gtagagcata taacatttcg gtagtttcgc ggtacagctt 26654
tttcgggtc agttcctcta caaagactgg cacgggtgca aaagtatacc ccaaagggt 26714
atacgtatct gtttgtaatg ccaaagataa cagcccccc cgcacattgc cgatcaaaag 26774
ctcgttccg ttgaaattaa cattatcgac atacgcgcta aagggggcgg ttgtaaagct 26834
gctttcgaaa agctctgcta atatggcata tcgaccatcg taaatagctt tcattaacag 26894
aaactgagca tggacctcat tggatgattt gggataggaa aattcgtact ggcagtatac 26954
caagtcaata acctcgtcgt taagtccgt aaaaattaca tcatccgggt cttcgggtat 27014
ggaggccgtt actttggact cgggggcttt ggtaaagcag aaggctttat cggcagaagt 27074
agctgcacca tcacagtcaa tcccggcacc cgccccatta accgctgctt cgtgtaaggg 27134
ggctttgttt gttccagaca ataactccag ggtaaggca gctaaccgtt tgtatgctaa 27194
cgatacctta tcgggatgta ggtttttatt taacaaaaaa ttgtaaaagt taatcaagcc 27254
tccaaagatt aggtttgaca gaaaccggta agcatattcg atggatgtct ctctcgcagc 27314
cttcacaaag gagtcgtcac gtaaacctt tgcaaacgat tgaaatgtac cactgaatcc 27374
aataactaac ttacgtagtc ttgtggttac aactacgaga ctatttagca cgtaagtgat 27434

gtctgtacgg gctacaatta agtcgcgatt tgaatgtgtt tcgtatttaa ctgttcccat 27494
gtcatgatct cggctttggg aataattgtg caaacgaccg gagtttgccc gtatccaatg 27554
ttcaacagaa agtccgggtt gtcccgttaa ttgcggtat tcatcaaag ccgtagccg 27614
gatgaatgta taagtcggtg aggcaaacac agaaaaatgg tcatttttcg atagttttaa 27674
atgcgcgtgt aacttactca tatacgcgct cacctcctta tgcgacgaat acagacgcgt 27734
ccatccggga agattagcag gattgttaat ataggatgca ggtacaacaa atgtatcgac 27794
cagacgcgca tgtgcttcgg taataggtag cccgtactca agcgttttta aaagatttcc 27854
aaaatcgtcc tcttgacatc gtttggtatt aataaagatt gccagttat gtgagatgtt 27914
agtatattga cgcagagttt gattgcagat tatatactg agtatatttt cactaggagt 27974
tacgtgtgaa cgctgcatgt catgttgaaa atgagattct aacgagtcag ttgggtggg 28034
cgaaccgacg catactatga ccggttttcg accgtttatg tactgagggc ttgatatat 28094
agcattcaaa agccaccaac agtaaacaac ggccgtgaga atatgacgcc ctagcaatcc 28154
tgcttcatca ataacaataa cgttgctccg ggtaaaagcc ggaagggaac cgcgtcgat 28214
aaacgcggtt ccggacattg agcctgtagg ttattaagc aaacgttcaa ttgccacag 28274
ggttttaaat gtcgatgtt ctcgcgacc gtcgtcccc atttgaaaca ctcgttttgt 28334
tatatcaatt aaaacttccc agtagtatac aatatctctt tttgcaggt cctcaataga 28394
aggggggggtc gtagtccagt tatatgcgta acggcccagc tgagcctgaa tgtgatttcc 28454
gcgaaaacca aattcatgaa agattgtgtt tatcggacga ctcgcataag ccgttgataa 28514
cttagcatga acattttggg cagcaaccct ggtggatccg gtaataatgc aatcgatagc 28574
ttcgttaaag gtttgatac acgtgctttt tccggagccg gcatttccgc taattaaata 28634
aacggagaag gggagctcat tcctctgcat ttccaggaggc gcttgcagtt cgagtaactg 28694
tttaaaccaa cacaaccgcg gaacacgttc ttttggaaac gtaattgcgg caagttctcg 28754
aatccgtgag aggatagggt gaatgctatg catagagggtg aagtttaaat atacactgtc 28814
atcaaatcca ttgggcgtct ctggattaaa aacgtttttt ggtgaagaac tgtctacaga 28874
aattgatctt ttcatcgtgg ttttcaatgg ccgaaataac gtctcttttt aataacagtt 28934

ccggtagtga agaaaaaagg atagcaagtt ctgtttctat tgaccagggc ttgaatggaa 28994
gtaacccaaa tgaccaatac aagaacatgt tcgatatata ctggaatgag tacgccccgg 29054
atatagggtt ttgtacattt ccggaggaag atggctggat gttaatacac ccaaccacgc 29114
aaagtatgtt gtttcgaaaa atcctagccg gtgactttgg atataccgat ggacaaggca 29174
tatatagcgc tgtacggtct acggaaactg taattcgcca agttcaggca accgttttga 29234
tgaacgcgtt ggatgcaact cggatatgagg acctagcagc agattgggaa caccacatcc 29294
aacaatgtaa cctgcatgcc ggggctctag cggaacgtta tgggctatgt ggagaatcag 29354
aagccgtacg gcttgcacat caggtttttg aaacctggcg tcaaacatta cagtcatcgt 29414
tacttgagtt tctgcgtgga ataaccggtt gtctctatac cagtggttta aatggaaggg 29474
tcggttttgc caaatacgtg gactggatag cctgtgtagg tattgtgccc gttgtaagaa 29534
aggtacgata agaacagaat ggaaccctg caccattaaa tacgtatatg ggtcaagcgg 29594
cagaactgtc ccagatgtta aaagttgccg atgcaacgtt ggccagagga gcggcggttg 29654
tcacaagcct agttgagtgt atgcaaaatg ttgctattat ggattatgat aggacgcgtc 29714
tttattataa ttataaccga agattaatta tggcaaagga tgatgtaacg ggcatgaagg 29774
gagagtgttt ggtcgtgtgg ccgccgttg tatgtgggga ggggtgtagta ttgactcac 29834
ccttacagcg gctttctggg gaggtgttgg cctgttatgc attacgtgaa catgctcgcg 29894
tctgccaagt tttaaataca gcccttttgc gcgtgttaat aggtcgccgg aatgaagatg 29954
atagatctca cagcacacgt gcggttgatc gtataatggg cgagaacgat acaacacggg 30014
ctggatcggc cgcgtctaga cttgtaaagc taatagttaa cttaaaaaac atgagacatg 30074
ttggagatat taccgaaacc gtacgttcct atctagaaga aacgggcaat cacattctgg 30134
aaggaagtgg atcgggtggc acatcacaac cggggtttgg caaggccaac caatccttta 30194
acggggggggc aatgtccgga acaacaaacg ttcaaagtgc gtttaaaact tcggtggtta 30254
acagtatcaa cggcatgctc gagggttatg tgaataattt attcaaaacc attgagggtc 30314
tcaaggatgt gaacagcgat ctgaccgaaa ggctccagtt caaagaagga gagctgaaac 30374
ggttacggga agagagggtta aaaataaagc catctaaagg gtcacatatt acaatggcag 30434

aagaaacacg tattgccgat ttaaatacacg aggttataga tcttaccggc ataatagggg 30494
atgatgcata tattgccaat agttttcaat ctctgttatat ccccccttat ggagatgata 30554
taaaacgttt gcttgagcta tggaacagg aacttggtcg ctgttttaag cttcaccggg 30614
taaacaataa tcaaggccag gaaatttctg tatcatattc aaatgcgtca atctcattac 30674
tagttgcgcc gtatttttca ttcataattac gggccacccg attaggattc ttggtaactc 30734
aaagcgaggt acatagggtca gaggaagagt tatgccaggc tattttttaa aaggcgagaa 30794
cagagtccta tttatcccaa atccgaatat tatatgaaat gcaggttcgc gcagaggtaa 30854
taaaacgggg cccacggaga acaccaagtc cttcctgggg ttgcctgac cctacagaag 30914
atgacgaaag aatccccgaa cccaataaaa taaataacca atacatgcat gttggatata 30974
aaaacctatc ccattttatg aaaggacacc cccctgagag gttacgggta cacaaggtaa 31034
atg cag cgg att cga cct tac tgg ata aaa ttc gag caa acc gga 31079
Met Gln Arg Ile Arg Pro Tyr Trp Ile Lys Phe Glu Gln Thr Gly
2715 2720 2725
ggc gcg ggg atg gcc gat ggg atg tcc gga ata aat ata ccc agc 31124
Gly Ala Gly Met Ala Asp Gly Met Ser Gly Ile Asn Ile Pro Ser
2730 2735 2740
att tta ggt tgc agc gta acg atc gac aac tta cta aca cga gcc 31169
Ile Leu Gly Cys Ser Val Thr Ile Asp Asn Leu Leu Thr Arg Ala
2745 2750 2755
gaa gag ggg ttg gat gtg agc gac gtg atc gaa gat ctt aga ata 31214
Glu Glu Gly Leu Asp Val Ser Asp Val Ile Glu Asp Leu Arg Ile
2760 2765 2770
caa gca ata cca aga ttc gta tgc gag gcg cgg gag gta acc ggt 31259
Gln Ala Ile Pro Arg Phe Val Cys Glu Ala Arg Glu Val Thr Gly
2775 2780 2785
ttg aag cca cgc ttt ttg gca aac tct gtt gta tca ctg cgc gta 31304
Leu Lys Pro Arg Phe Leu Ala Asn Ser Val Val Ser Leu Arg Val
2790 2795 2800
aaa ccg gaa cac caa gag acc gtt tta gta gtg ttg aat ggt gat 31349
Lys Pro Glu His Gln Glu Thr Val Leu Val Val Leu Asn Gly Asp
2805 2810 2815
tca agt gag gtg tcc tgt gat cgt tac tac atg gag tgt gtt act 31394

Ser	Ser	Glu	Val	Ser	Cys	Asp	Arg	Tyr	Tyr	Met	Glu	Cys	Val	Thr	
2820						2825					2830				
caa	cca	gcg	ttc	cgc	gga	ttt	att	ttt	tcc	gta	tta	act	gcg	gtt	31439
Gln	Pro	Ala	Phe	Arg	Gly	Phe	Ile	Phe	Ser	Val	Leu	Thr	Ala	Val	
2835						2840					2845				
gaa	gat	agg	gtg	tat	acg	gtg	ggg	gtg	cct	ccg	cgc	ctg	tta	atc	31484
Glu	Asp	Arg	Val	Tyr	Thr	Val	Gly	Val	Pro	Pro	Arg	Leu	Leu	Ile	
2850						2855					2860				
tat	cgg	atg	act	cta	ttc	cgc	ccg	gat	aat	gtc	cta	gat	ttt	acc	31529
Tyr	Arg	Met	Thr	Leu	Phe	Arg	Pro	Asp	Asn	Val	Leu	Asp	Phe	Thr	
2865						2870					2875				
tta	tgt	gtt	att	tta	atg	tat	ctg	gaa	ggc	att	ggg	ccc	tcc	ggg	31574
Leu	Cys	Val	Ile	Leu	Met	Tyr	Leu	Glu	Gly	Ile	Gly	Pro	Ser	Gly	
2880						2885					2890				
gca	tct	cca	tcg	ctg	ttt	gta	caa	ttg	tct	gta	tat	ctt	aga	cgc	31619
Ala	Ser	Pro	Ser	Leu	Phe	Val	Gln	Leu	Ser	Val	Tyr	Leu	Arg	Arg	
2895						2900					2905				
gtt	gag	tgt	caa	ata	gga	cct	ttg	gaa	aaa	atg	cgt	cgg	ttt	tta	31664
Val	Glu	Cys	Gln	Ile	Gly	Pro	Leu	Glu	Lys	Met	Arg	Arg	Phe	Leu	
2910						2915					2920				
tat	gag	gga	gtt	tta	tgg	ttg	tta	aac	act	cta	atg	tat	gtc	gtt	31709
Tyr	Glu	Gly	Val	Leu	Trp	Leu	Leu	Asn	Thr	Leu	Met	Tyr	Val	Val	
2925						2930					2935				
gat	aac	aac	ccc	ttt	aca	aaa	acc	cgc	gta	ttg	ccg	cat	tat	atg	31754
Asp	Asn	Asn	Pro	Phe	Thr	Lys	Thr	Arg	Val	Leu	Pro	His	Tyr	Met	
2940						2945					2950				
ttt	gtt	aag	tta	ctg	aac	cct	cag	cct	gga	acg	gcc	ccc	aat	att	31799
Phe	Val	Lys	Leu	Leu	Asn	Pro	Gln	Pro	Gly	Thr	Ala	Pro	Asn	Ile	
2955						2960					2965				
ata	aag	gct	ata	tat	tca	tgt	ggg	gtg	ggt	cag	cgt	ttt	gac	ctg	31844
Ile	Lys	Ala	Ile	Tyr	Ser	Cys	Gly	Val	Gly	Gln	Arg	Phe	Asp	Leu	
2970						2975					2980				
ccc	cac	gga	acc	ccc	ccc	tgt	cca	gat	ggt	gtg	gtg	caa	gta	ccc	31889
Pro	His	Gly	Thr	Pro	Pro	Cys	Pro	Asp	Gly	Val	Val	Gln	Val	Pro	
2985						2990					2995				
ccg	gga	ttg	tta	aat	gga	cct	tta	cga	gat	tcg	gaa	tat	cag	aag	31934
Pro	Gly	Leu	Leu	Asn	Gly	Pro	Leu	Arg	Asp	Ser	Glu	Tyr	Gln	Lys	
3000						3005					3010				

agc gta tat ttt tgg tgg tta aat cgc acc atg gta aca ccg aaa 31979
 Ser Val Tyr Phe Trp Trp Leu Asn Arg Thr Met Val Thr Pro Lys
 3015 3020 3025

aat gtt cag tta ttt gaa acg tat aaa aat tca cca cgg gtt gta 32024
 Asn Val Gln Leu Phe Glu Thr Tyr Lys Asn Ser Pro Arg Val Val
 3030 3035 3040

aag taa ataaaccttt tattttaagg atgggttggt gcggcgtggt tttttgtcat 32080
 Lys

aaaaacaaga agttatatga agcaagggga tcgtcagtaa atttcaatga tggacttgaa 32140

aatcattat gagcatctag aagatgggta ataatagtga caaacgtgtg tataaggggc 32200

ttgagatgag cagcgcagtc tatgggggga atacaggcac acgatggtag caattcccag 32260

taaacaacag taggaggtcc atgtgggttg ggattacgaa ccataattat ctgtcttggt 32320

ttataatcct tatcttgcat gtgtccgtat gtcagataag atgccggtat tgcttttggt 32380

tccgaatfff gtcctgaag actccagtat accggagtat aacggcgatc aaaaacatgt 32440

tcaaaaaaat cgacgtatgt ttttctggca gcctccacaa cttgtccggc ccatatgtcg 32500

tataggacat ggtcccatat gcaatfffcc tgtatccgtt ctccaatfff tgttgcggta 32560

cataggagtc ctgaaagacg ctccfftaaa tctcgcgccg cctgacttcg ccatggcacg 32620

ccaactaaat ccggaggcgt gtttgtttgt aaattccaca gccagctfcc cgtgggtacac 32680

caggtaaagt cgtgagtgt cacaccctcg acccgagta ccggttccat ggcgggtgt 32740

aagttaagac ctagttgaat tcgtaataag cccgtgactg ctctttcgca ggtggccgct 32800

aaatttaagg ccgaacaacg tgcctgatct gaacatacat tgcgcgtatg taaatcgggtg 32860

aagattcccc aaaatccatc ttttatataa gtacatatag caaagccctg ttccaaggcc 32920

gtttgttcga cgcaaaggct aatttcattg gctataaaaa taatagcttt gtatatactc 32980

gggagtatgt gccgtaacct ccaaaaaaaaa gacaccaacg cgggttttag gcacccatt 33040

cctcgacgca ttctagccag gacgattttg cctaatactaa aatgcatggg gaacatagcg 33100

cagtatatcg tgggaaaaaa ggcgctgaaa tcaactttg ccatccaacg atctttagt 33160

tgtacaggct gtttgaagac ggtagatatc cggcccgct ccaattgac agttgcatct 33220

gcatgtccag tatcttgagg gatttgccca ataagatcct gcacccgcgg aggtaagggg 33280
ggatgctgtc cccagggggc tagataatga aaggcctgaa taccggttac tggccacaac 33340
ccatccgttt ccatgtacat ctccgtagcc gtgcgaatag attcgacggc tggagtttgt 33400
gtccgaagag tggatccatcc gggaaatccg acagtacaaa agtagtctct gtcttcaccc 33460
ttcggattga gttccggggc taaatacgca aagattggac ggacaacccc gggttttcca 33520
aacgccgccg cgtaccacag tctatatgtt gctaatatg aaagggaaga tgtaacgggtg 33580
gaatccgttg ttaaacagtc aaaataacac ggtaagagta cccttaccac aattgcgcga 33640
ttgccactaa gaaccaagcg gcgttcttca aggttaaaca aatcggaggt ttggccttcc 33700
cgctctatag ggggggaaaa cgtagactta tatttccgac gtatgtaggc ctttgggtgta 33760
attacctcca cgtctaaagg tgtttgttgc tgggtgtcac cgtagattt aagtgcggtc 33820
aggcgggcgt aggctagcga cgtaccttgc gtgtgggcgt tacatgcgct gactgctgaa 33880
acatcaatgg ccacgggaaa attagccctc aatactccgg tagatggcgt gttgtcatta 33940
ttcaacgcgt gttcatcggg gattgttttt aacagaagac ctgtattcgt atcagtctcg 34000
aatgttactg gcgaataaaa cgatttaaac cctaatacgc gccgtaaagt ggccagggca 34060
gtgccatgga gacaacgcca ggtgtctgcg ttaccagtg gttcaagggg ccaggcgtct 34120
aacgcagccg aggacgccgc cctgcagata gacgcaaacg ttgccgcaga aacactcccc 34180
ccatgcctgg agtagcgaca taaatcctct tgttgtacgg taatttcggc aaacttaggg 34240
acgtatttcc cacatgagtt tttgcataat aagtagtata acacggaaag accgttctgt 34300
gttaattgtc cggactgtgt ccaggatgtg tatatgcttg cggcacaat gtgtccgctt 34360
tctctaacca aggtaatctg cgttgcgtcc atagcttggg tgtggttcag tgcatgttta 34420
gaggcccttt gtgttgtaca gaggcttagt atttatgtaa cccccctat ggatgtccat 34480
atatgggtatt aacgggttat aaactttcaa aatttaccgc cccgtttatc cgcggccacg 34540
atccccggga cagttccgat agcgctaatt gtagcatggc ttcggcatgc ggggccaagt 34600
gcatttgatg tgcttgaaaa tacacgtggc gtgccaagc gggggcagta attttgtaac 34660
gctgttgaga gaacgaatgg cgctggctca taagcaggtt atacaactgg cggtaggtac 34720

gacatgcaga acgatccacg ttaattgaat caagtaaagt ttctagatct ttttttttta 34780
ggtttttcac acgagtactt cccggaagg tctgggtact tttagttacg cgggcgccaa 34840
ataattgttc ccaaattaaa cgaaatagag caatgttata ttcgtgtttt gtagggattg 34900
gacggaagca ttgattatgg catccatcta agaatccggt tgttcgccaa accgggcggt 34960
ttaatataat cttagcgtca gtaacgttac agcgcataac ctcaaattt agttgagcca 35020
gcgaatcccc gtgttgattg aaaagtgtat taatgtccgt atccaaaact tgtgttacac 35080
agccttcggt ggacggattc cacttgagtg tttttgcaat ataggcacia cggcgaaaca 35140
gctcccaatg tgtggttaaa tttggggcgg tagttatagt cgcatgcta aattccccgg 35200
ttttgtccag gacgggaaac caaccggaag cgtagtgcgt gtatatattt tgaaatacgt 35260
caaattgttc caacgttca ggtattcgta tacacgcccc caatattgcc gtattgacta 35320
gtctaggctg ttctattgga catgcaaggg ctttaaatac ttttaattgt tcttcggtat 35380
taattgactc cataagatac tttccataa acgcggtaat gtatcggcc ataatccgg 35440
aagggccaaa atcgggtcaag cagctgtcat tgtcctgtct aagagaacgc atacaggaag 35500
ctacggcggt agcgctatgt ctgagatcgt gtataaatgc acaaaattga actggggaaa 35560
cgtccgttat tggacccatg ccatccaata caacaaaaat ttggttagag gccaaaagag 35620
tttgtaagat attaattgta tcggctaaac tccaaagaga gcattctctg aaaaggtgtt 35680
tgtatttaaa tcttgagaag agatgggtgt tcgagcgtgt aaatgcattt gcacatcgtt 35740
gcctaaatgc acagcacagt ttgttagtta tttgggtgtg tgtaggaaac cattgaaatt 35800
tatttgcat ggtaaagttt agtaacattg gcgagaacag gggtcgcat ctggtccttg 35860
agccatcgac gtacatcaaa acttcattaa gtagcaataa acgtacacgc cctaatgact 35920
ggtagaccga taccatatcc ggcccatatg acattggctt tatgtaagca aacatgctat 35980
gaaaatgagc catgtcaaaa ctcaatccaa cggtcacgac ggtagtgtac accaacacgc 36040
gaaaatgttt ccattcgttt acattacata ggggccgagt tgagtttaaa ataagaatag 36100
agtctgtaaa tattgcacaa aactgagcaa ctagctccga aaacgataaa gttgatgaaa 36160
atatacagat gttatgccca cattgtaatc gtagtgctag ttcgtcaaaa aatgttccac 36220

gtagttggtg tatggtacgt acatcctcgt gttcaggaga tcgtttaatg actcgcacaa 36280
gcgtgtcgat gcccatatca cgcaggatcg tgcaagttct tccggagaac ccaactcccg 36340
cgtatgtaca cacaattgtg tgtatgtttt catctccacg caatccggag attaaatcaa 36400
taaactgcga gtttactgta gcatccatcg cgataatttg agaacagcga tttaaaagac 36460
gatataatag gctatcaacc gcggaaagac gtctcattgt gggggagtat aattgtccaa 36520
tactgacat tacctcatcc agtattaata cgtcgtagct gtcgatagct tcgctggata 36580
cgcggtgtag gctttcaagt tgcacaatca aacgttttaa acccataata tatgtctcgg 36640
atgtcaaata tgttacgaat ccggagaggc ctgcatcggt aaaccgttga atcaacgtct 36700
gggtaaagct acggcgacat gagacaacca gtacgctaata atctgccttt aacgcgtggt 36760
gaagccactc aagcaaggct gttgttttac cagagcccat aggggcacgt acgacggtta 36820
ccgggcgagt ttgtgacata ccaggtttta ttagttttac tggaacatcc aattgcagtt 36880
ccaggctaata tcccgggtgg gtgtgtttta tccacgaaac cagatcccct ccatataacg 36940
cccgcgcgag ctgtgtactg gacgcataga cggcggcggt gtctccccg gtgttgggag 37000
acatgggaac tcaaaagaag gggccgcgtt ctgaaaaagt ctgccgtac gacaccacga 37060
cacccgaggt ggaagcgta gatcatcaa tggatacgct taattggcga atttgataa 37120
ttcaggtgat gatgttact ttgggtgcgg taatgctcct ggctacgtta attgccgcct 37180
cttctgaata taccgggatc cttgttttt atgctgccgt agttgattat gagttattta 37240
acgccaccct agatgggggg gtatgggtccg gaaatagagg tggatacagc gccccggttt 37300
tgtttttgga accacatagc gttgtggcat ttacttacta cacggcttta acggcaatgg 37360
ccatggcggt atatacactg atcacggccg cgattataca ccgagaaacg aaaaatcaac 37420
gtgtccggca aagctccggt gttgcatggt tagttgtaga tcccacaaca cttttttggg 37480
gtcttttgtc attgtggtta ttaaacgccg ttgtgttatt attagcttac aagcaaatcg 37540
gcgtggctgc tacattatat cttggacatt ttgcgacaag tgtaatatat acaacgtatt 37600
tttgtggacg cggaaaattg gacgaaacga acataaaagc ggtcgcaaatt ttacgacagc 37660
agagcgtctt tttatatcgc cttgcggggc ctacgcgcgc agtgttcgtg aatttgatgg 37720

ctgcgttgat ggcgatatgt atcctatattg tatcattaat gctggaactt gtggtggcga 37780
atcatctaca tacgggactg tggatcatcg tgtccgtggc catgtctaca tttagtacat 37840
tgtcagttgt atatcttata gtatcagaat taattttggc gcattatata cacgtgttaa 37900
taggaccgtc cctgggaacg ctctgtggcct gtgctacgtt gggaaccgcc gcgcactcgt 37960
atatggaccg attatatgac cctatatcgg ttcaatctcc acggttaatt cccacaactc 38020
ggggaacctt ggcttgcctg gccgtgtttt ccgttgtcat gttgcttctc agattgatgc 38080
gtgcatatgt gtatcatcga cagaaacgca gtcggttcta cgggtgccgta agaagagtac 38140
ccgagcgggt acggggatac atacgaaaag taaaacctgc acatagaaat tctcgccgca 38200
caaattacc atcacaaggc tacggctacg tctatgaaaa tgactcaaca tatgaaacgg 38260
accgcgagga tgagctgtta tacgagcgat caaacagtgg gtgggagtag cgtgggttgt 38320
acttgtaaac cccaagcaa taaaacaaac attcacagta accaaccatg atttgatgtt 38380
tttattagaa cgtttatcag ggtttatcag ggtttaacat tttgcgcatt tggaatggga 38440
gtcttttccc gaaggttttc gttttggtgt tacatcgatc actcgtgggc ggctgttgt 38500
ggatttatcg gcgtcctctg ttacattctc atcaaagtca aagtcttcaa agaactctga 38560
gttcaaagca acggtttctc cgttgcacgt aacaagctcg ttgtaccgtt tgcacaatcc 38620
acagattcct cctcgaccgc tggatgaaga ttgtcccatc gcaatgaccg caatgctgat 38680
gtaatcgctg tgtttcctgt gtctttaagt atttgtgtca ctctaggcac atcaacttcg 38740
ataggcgtaa gaacggctat aaccggaacc gcacagtggg gtgggatagt cggccagtta 38800
tattcgtaaa tggcagccgc ttgtgtatcg acgcgcaatg ggactccac ctctgttgt 38860
cggcgcacac gtcctataaa ggtgacaagg aagggccgta gtttagcgc tggaaagtaa 38920
ccgataata cataggtttg tacggcaatt tgtttaagt tagcgtgccg cggattggca 38980
aatacaggaa tttgaagagc cgtatctcca gtggcccatg caatggttgt aattgtcccc 39040
ttttgtatgt ccggatcatt aaataccac actcgggatg agattgtccg attgaggccc 39100
aatgatggg cgtcgagttc tgtaagggcc ctcccacatt taaatcctaa acgtttccat 39160
tcaacgtgat ccgttattaa ggcctcgcgt gtacttgggt ttgctgaggg tccaaagaag 39220

cttacacatg ggTTTTTtat agtatataaa aagTcccgtA gatttgccat tgtaggtcta 39280
tttattaacg tgggtgtacgt ccgaccgagc gggttatTTt tgTcatctgg atcaaagagg 39340
tatttagcac gacatttaat ttcaaaaaat gaaatgtcgg tttctgcagg gtggggattt 39400
agggtgccag ttaaagggtc cctgtcacat acaagaacgt ccaacgacgc gcctataagt 39460
cccgttcgaa cgtcgattaa aagtccacat tcatacgttc cgattcttgg tgtaccacaca 39520
aggagacttg gagatttggt attgagcatg tcaaaattaa aaaacttagt tgtagcttct 39580
ggcgTTaaat gatcaggagt acggatatca gccggatcta taaacaatgc ttcaactatc 39640
gctcgtgccg ccggttcgtt ggtTTTTcca aacgccattg ccgccgcac accgtatgtg 39700
tctgtagtgt tatggtggta aaaccactga ggtggaatga cgggtccaga tacactccat 39760
ttaagagttg atgcggtgat taaatttcgt ctgagtagtg tccaaatggc attgtcgccc 39820
tgaccacgag tctccgattc tattgttaat agaatacgtt taatgtcgtc ttgggttaat 39880
ttggatgcta actcttccgg acgcggtctc tgaggctgtg tggacgtctt aaagaacagt 39940
gcgttggtag aaccgggtgt tgtgtaggtt acatcatttg gagactccag agttgttaga 40000
attttataca tgtgggataa acgaataaaa ataccgctg tcatcccgcg acagtccatg 40060
ttcggtgatg tcttctgtag cgtgtctata aaatggtgtt caacgttaat cgtgttaata 40120
tccgtTTTTa caaaagggtg ctgtagacct ccacacggg caattTTTT ggctggctgg 40180
gggcttatgt cgatcctatc caatcccgat cgtgccataa taaagggtga tccgagcgta 40240
tttctgaatt atcgtgacac aacaacgatg taacaacagt ggctgggtat aatgaggccg 40300
gaatgcgtat gccttcgaaa agctttgagt gcgttacgcc gtaacgcact gcgtgacact 40360
ggaatatccg gcgtaaagaa ttccgggaaa tacgggtgtt cagctctccg gcgtgtataa 40420
agggattata atttaagtcc ccggggatgt cagatgggag tatatatggc gccaggacac 40480
atcgatatgc cagcgtatca agcgccaaat ctggtgataa cttatgaccg tagtagtgat 40540
aatgcgggggt ccgatgtact gaaatgggca gttgtccggg aagacgtcct agcaggataa 40600
cttctaagag tgcttgcccc aatgcataaa gatcaatcg c aagtccaact ctttggggca 40660
aggttccagt atatttagta aggcccgttc cattaatata atcaagcaag atttcagggg 40720

gttggtttgt tccatgactc aacaccaaac gaaatgacat ctgcatgca tcccggggta 40780
cgcgtagtac gtgctccggg tgggatggat ttccaacttc aaatatcgct cgagtacaaa 40840
gggaatacgt atttaatggt actaggctat agtctccgat tactgctgtg gttatttcca 40900
acgaggcaaa gttgtcgacg ttaagaaaaa tattgccaca ttccacatct aggtgggtca 40960
ggccgcacgt tcgatttaaa aacgtcaacg cttgagccaa atctaaaaat acatgggcaa 41020
tttttctgtc tatgtgatca ggtattgtca accgtctgga caggcgaaca atgtattcat 41080
ccatatccat gtcgtatgcc ggaaacagta gctgtttggg ttgtaacgaa aaacataaaa 41140
ggcaaactat gctagaaata cctagccttt cccctgctcg tatagaaccc tcactcgcta 41200
aaatcgcggt aattaactct ctattaaaaa cacgactgtc catgggtttt acagctattt 41260
ttgacgatgg gtatatatga acacgcccac acgttccccg tcccgcaaac ctgggtctat 41320
ctcgaatctg taatttagaa aaacataact gttcattgag cgtgaagatg ggtacaatta 41380
aacgggataa tttggaaatt ctaaaaaccc atggggggtt gttaaattgt ggaaaaacgt 41440
ccaccctttc gcgttgatgt attggatctc tcgttaagcc gtgctttaat aaaaataagc 41500
ttgtctgttg tgatcgttct ggtgattcca tgcatgttgc agttgacgga ttggcccatg 41560
gatgatttac acatccgtgt gtgggggttg tggattctcg ttcttgctga tcggctgcgg 41620
ttgcatttgg ttcattgtccg tcggtattgt ggtgggaacg caaaggcct gcagttggag 41680
atatttggag gttggggggg gtgtcgtcag catccattgt gtaagtaacg cttcgtcgtc 41740
ttctccaaac caagtatgat tttcgtgtc gatgttcggg cctaccgcgt cttccagtct 41800
gtctatatta tcggtattat cgtcttctgt tttatccaaa ccgcgaataa aatcgggtgc 41860
tatatagcgt ctgtttgtat ttaaaatctg ttgaatactt gtttgttcct caaccttgga 41920
ttgtatatca cgaatcttct gttcaactga agctatgcga gctgcagagc ggagctggtt 41980
atttaaatacg gcgcaggcct cttttgcagc agtaaaggca tacacaaatg ctggatcttg 42040
tacactcgca cccccacgga ttagatcgag ggtccgttct ttaaataacc ccgcgcggtt 42100
atgcgcctca actagtttga cacggttacg cctatgagaa gcgtaggttg gagtgtggcc 42160
tgacatgacc aaagtgaatg aatgcggccc tgaaaatgtt tatgatatat acgtaacgag 42220

tacgtaagat gacgcggctt cctgtttttac tgcttacaag agatgaggcg gattccgtga 42280
attgatgtta aatgtcattg ataatgtttg gtcgtacgct tggatgaagaa tctgtaagat 42340
attttgaacg tctaaagcgt cgtagggatg aacgcctttg gacgttggag tcccctaccc 42400
cgtgtttccac gcggcaaggg tctctgggaa acgcaacca aatcccgttt ctgaattttg 42460
ctatagatgt aacccgacgt catcaggccg ttattcccgg aattggaacg cttcacaact 42520
gttgtgaata tattccactg ttctcggcta ctgctcgacg ggcaatgttt ggcgcgtttc 42580
tatcgtcaac aggggtacaac tgtaccccca atgtagtttt gaaaccatgg cgatattcgg 42640
taaagcaaa cgtaagccct gaattaaaaa aggctgtcag tagtgtacag ttttatgaat 42700
attcaccgga agaagcagca cctcatcgaa atgcgtatag cgggtgttatg aacacatttc 42760
gcgcgttttc tctgtcggat agtttctgtc agttgtctac ctttacacaa cggttttcgt 42820
acctgtgga aacatctttt gagagtattg aagagtgtgg aagtcatggc aaacgcgcaa 42880
agggtgacgt tccaatctat ggcagatata aggggacgtt ggaactgttt caaaaaatga 42940
tccatcatgca caccacgcat tttatttcat cgggtgctatt gggcgatcat gccgacagag 43000
ttgactgctt tctgcgtaca gtgtttaaca cgccaagtgt ttctgacagt gttttagaac 43060
acttcaaaca aaaatcaact gtgttttttg taccacgtag acatgggaaa acatgggttc 43120
ttgtaccatt aatagcttta gtaatggcca cgtttagagg aattaaagtg ggttatacgg 43180
ctcatatacg caaagcaacg gaaccctgtt ttgagggtat caagtctcgc ctggaacagt 43240
ggtttggggc aaattacgtg gatcatgtaa aaggcgaatc tattacgttt tcatttaccg 43300
acgggtctta cagcacagcg gtgttcgcgt caagtcacaa cacaaacgtg agtgttttat 43360
aaatttaacc tttaatatat tactgtaa atgtgacatat acctttccac aacggcggtt 43420
gagttaaggt atactaggtg gttgtaggtt ccggttcacc cgataatctt tgtgtctcgg 43480
ggaagcaa atcgctgaagc agaccacagc cgtaataat agcccggctt aatgtttctc 43540
caaacatata aagctgccac ccagatgaat ttactggtac agagagacca ctggcggttg 43600
ttcccgtat aacgtcgcca agatttgcgg taatgcgagg attttttagta ctcgtaattc 43660
gaatgcaggt ggtgacatct acaaaaagaa cctgcgtggc gccaatgtct acctccactt 43720

ttaattcccg ctgaccggcc tttctccaca tacacggagc ccaacacaca caaccttccg 43780
catgatttgt gacatggggt aacgcataca gtgccccac gtgaactcta tgattacatt 43840
catcacatcc gtccgcatgg ctgaggagtc gatttaatac agagccaagt atccgagcat 43900
gccatccggc gggacatagc cctattaaat taggttccat agccagtaca tataaacgcc 43960
ttcgttcgtc tgaccaccac actcccggag aaataacttt acatgcgtat ggatttttcg 44020
gaagccgcgg gggttgtaag tagttgctta agtttggcgt tggtgtaaga tctgcggggg 44080
tgggatctgc tcgaggatcc ggaatagatg ttggaagggg gtacgcgacg gggttcttaa 44140
acgttgctcc aaaaacatgg tctatgtttt caaccggata aattcttaa gtcgccgtca 44200
ttgcgtacga gacctgtaa ttaaaattta caattacatg aaaagtcttc ggaggttaagt 44260
tcatctgacg tgggcgcgtg atgtaaattg tggctacaac aacggcaata ttagtagtat 44320
ccgtttgaag ggggataaac ggagcgatcc ttaaagttat aaaagcagtt gatcgatta 44380
ttttacccg gggatcggtc aggatggact tccataatcc catatccagc gtaaatgcat 44440
cgcagagtct ctgaactgcc tcgggggtta atttgcgcgc tgcacccgta gcggtgtaca 44500
gcggaaatat gcgttgtaat tccatgagca gaaaaacagt ctagcggatt gccgcccggg 44560
tacttgtagg tttaatgcca cccacccggt tatattatat ttaagaggg ggtggaaacg 44620
ggagaaatga cgtaaaatta catatgaaga gattctggtg ttatgttttt atagtacac 44680
taatttatat atgggggttg ggaatagaga agcagaatct gtctagaata ggtccgatta 44740
acgatgcagg tagtgctgcc tgtagggtat cggtaataca aaaacatgcc gcaaatcccc 44800
ccggtaaaac taaaatggat tgtaattgct ggtaaatacc tagacaaatg tacgcgtaac 44860
attgaccggg taaatactta gaacaaattc caatatcaac aatatccgcg ctgcgtataa 44920
atttaccctt cagttgtgtg gaattaccaa taccaacctt ttctaaggct acgggaacgg 44980
ggaccttgga aagcttaagt atttcccctc ctgaattata atagtcaa ataatatatag 45040
aacgattacc taaccagcat gggaaggaag cgtgaaggta gggtatatac cccccacctt 45100
gtggtcgtgt atatacagat gacagatacg ccaaaaccgc atacatcaag gagctgttat 45160
aaaacgcac cattgacatt tccgttaaca ccgaaactat agtctgaatc aggtctggtg 45220

tgcgggctac aatttcatca ataaccgttt gggaagaatc tgcaatatca tattccatga 45280
gttgtttag agtcgggttc gtttctaact ccgttataag accttgggtt agcgatgtca 45340
cacacgcttg tttaaatacc tggtttaaaa acatttcggc gcctgggtta aaggcgggta 45400
aggggggttg attatttagg acgttagcca aaaacggtaa acgcgcgact agctcttggc 45460
gagctgtcac atgtaggctt tggggattgt caaccgggc attatacac gcagcatcaa 45520
taatagcctg tgcagagtga tataaaattg gacttccggt aatacgtcct cccaggcag 45580
aggatccgtt gtaagatact acaatcaacg gactggggga ttctgcgtaa tgtcgcgta 45640
caattgatag gggacgccgt ttccagaaat ctgctggagt gtcccgcta actaattggg 45700
cataacagat gtcgaacat tccataagac tttggggttc tgtcgaagct ggggtaaaca 45760
atagaacgtc ttgtaaagg tggatgctgg cggacgaatt gtttttctt cccgtaaatc 45820
gcccttgtcc aggcggctca aggacgcat caaaggaacc gttattgatc ggatctgtgt 45880
tggaagtttg cgctccgtgg cccttgcac tttgaagcaa cccagatgca acgcgggaac 45940
tagaaggtcg gacggggtgc ctggagttaa caatgtttac ggcccgttt attagctcaa 46000
ggacgtcccg attattttcc tgtatgcgtg tttcagcagg ggagtcacata atacctccag 46060
aagttaactg tcgatcaaga tcgattatgg atgaaacggg tccaatattg tccccatttg 46120
acgtgtgtga ttcacccatg gctgccacca tatgctctgc gtatatattt atagacgatg 46180
caagacgagg ggtgcatcgg atatacgcaa tcagctgttt gcataataaa agtaccggtt 46240
gtccatcagc aaaataacgc gtccggttg ggattagttc tgcatacata atacaaatat 46300
cacggtgctt gcggtttcca gtatttattc gtatcgctac aacgttaaata gcatcaaaga 46360
ataaaccggg gctaagataa acaggcaatg ataaaatcaa tccccctgaa ttatgcgtgg 46420
ccgaaaaaac gtgtgaaaca aatggttccg ttttgggtat taagagattt gtttaaggcgt 46480
tatcgggaat gtacgcggcg aaaacttgac accacggttc gcattgacct gtagcatgat 46540
atcttgtttg tacttcaacc ttgaagcggt gtccgggttt ctttaaaatc agtaatgcgg 46600
gatctattcc ggccgcaata agccccgct taggtatcac aacgtgtagt aatccttttg 46660
tgtgatcatt atgccaaagt gcatgtttgg tttcatttgc caaatgggct tccattatac 46720

accgatatg gttgtactgg aaaaaaaaaa gaaatatgta cgtattcaaa cattttttac 46780
gtacgtggta tttaaggata catttaaaact ttgggtgggggt aactatataat ctttctatcg 46840
ttccagggtg tccgagggtca agatttttaat cttctgtttg tggatgaagc taatttttatt 46900
cgacctgatg ctgtacaaac tatagtcgga tttttaaaatc aaaccaattg taaaattatt 46960
tttgtttcat caacaaatac cggaaaagca agtacaagtt ttttgtataa cttacgtgga 47020
tcgtcggatc agttgttaaa cgttgtttaca tatgtatgcg acgatcacat gccgcgtggt 47080
ttagcacata gcgatgtcac agcttgttcg tgttatgtat taaataagcc ggtttttcatc 47140
acaatggatg gagccatgcg gcgcactgca gatttattta tggccgactc cttcgtgcag 47200
gaaattgtag gtgggcgtaa acagaattct ggggggtgtgg ggtttgaccg gccattatth 47260
acaaaaactg cccgtgagag gtttatthta tatcgccgt caaccgttgc gaattgtgct 47320
atattatcgt cagtgttgta cgtttacgta gaccctgcat ttacctcaaa tacacgagcg 47380
tctggtactg gtgtagcgat tgttggtcgt tataagtcgg attggattat atttggattg 47440
gagcacttht ttcttagagc tttaactggc acgtctthca gtgagatagg gcgttgcgtt 47500
actcaatgct taggccacat actcgctthta caccccaata catttcaaaa cgtacacgtt 47560
tctatagagg gaaacagcag ccaggattct gcagttgcca tatcgttggc tatagcacia 47620
cagtttgctg tcctcgaaaa gggaaacgtg ctatctthcg ctccagtgtt actgtthtat 47680
cattccatac ctcccgatg tagcgtggcg taccctthtt tthtattaca aaaacaaaaa 47740
acggcgccg tagactatth tgttaaacga tttaactccg gaaatataat agcctcacag 47800
gagcttgat ccctaacagt aaagttaggt gtagaccccg tggagtatct atgtaaacag 47860
ttggataacc tgacagaggt aattaaaggc ggtatgggtg atctagacac aaaaacttac 47920
acgggtaaag gtaccacggg aacaatgtca gatgatctga tggttgcatt aattatgtcc 47980
gtgtatatth gcagttcatg tataccggat tccgtgtthta tgcctattaa ataaaaacia 48040
gacgcgtgaa atgtactag actggttggtg tthttattaa cacctgtthta cacttgaatc 48100
acggccgtgc ggtctcccgg atgaacagta gaggggtccat caaacacaca gacgcgtaaa 48160
attgcgcgag ttcccaaggt atccccagt ctagatgatg ttgatatcca agatgaaata 48220

gtttcatata tgggaaatcg gcgatggccg tcttgaatcc gcggcattgg cggatatatta 48280
attaactggc cggtttctct aacgcaattg gccgtttgta tcaataaatt tacataaccg 48340
tcgtgtgctc cttggactaa caaagttgga atcagcgcca ataaaagcag acatccctcg 48400
tttatggaaa acattagatt taaaaccaat gtgcgaatag ccgcatccga tccgtcccga 48460
tgttgtaaat ttgtttcgag ttcataacgc cttccattgt aacaaatgac atccgcgcct 48520
cgtagaactt cgtggggtaa aatttgagca cccgcggccg tgcgctcaac ggcccgtgca 48580
accactttgg cgatgatttc tcgcattaag gtctggggga tggttaaagg gaaaacaatt 48640
tccagtccta cagagtccaa gcgaattgag tctgcggacc cgaaaaccgg aggaagtaag 48700
cagatgtaat cgccattaca aagatcaacg ggggatgtat tttgaataaa caaccgggt 48760
gtaggagtac ccacgccaat ggcatgcgcc aacaactttc ccgggatgac ccgtgttata 48820
actgccgca atcgcatcgc gtatgcctct aacagcgaga gcgtgtctgg tggagcaccg 48880
ttaatgtaat atgacgacag cgctatatcc accagtgaag ctcgatgacg cagggttgag 48940
aaggtaataa tttttccctc acatttctgt aatgcagatg tttccgccgg ggatagtict 49000
cctggtaaca atacctctat ctcaaattggc atagccatgt tgtttaagga agcgtgaaac 49060
agaccaagtc ggccgagcgt atccaaatct caagtaagat gccaatgcgc tctacagggc 49120
ttttattggg agtgggtatg tgggcgtggt gaaattatcg cggaagagga agacatcccc 49180
taaggggca cgcgtctcga atcagatatt gggctaagt aacttcatct gccccggttt 49240
ctcccgctg agccgttcgt aacatggccg catcgcttga gcatagtggg ggatatgctt 49300
cttgaaaaag gccacacgga tcctgtgtca tttcggtaga accgggaggg cgtttaaatt 49360
gatattcagt gtcggtggag ctttgcgacg ccacagcctt tgcctccatt agaagccgat 49420
ccagtgtatt acaattagt ttaacctccg ctggtgtaaa aaacttaaag catgggctgt 49480
agataggaga agcgcctgta aggttgtatg ttccgttgta tagcctgtca ccgtatgaat 49540
gtttttgtga tgcccatggg ttaagagttg ctcgatctgt ataagcaaca tccgattgtg 49600
tgtgatcaaa cattatagcc tctatgtcgg cgtcacggtc accatataat aacattccag 49660
atgctcgacc tctaggattg catgcagttc taaaatattg taggtcagtg gacaccggca 49720

tggccacaaa ctcacacaca gaggcttgcc ctcgtgcaat tcctgccgat gtagcaggac 49780
gtagtccgcc gaagatgggt aggggttcgg tgggatttaa gcgaccccc gatgctgtta 49840
tacgacgcaa cgattcggta acgttatcat gtaacattgg cactcctcct cgtgaaaaaa 49900
aaagatittg ggcagtattg cccatatccg tgagagggca tcgcagggt gctgtggcac 49960
atacagctgt atacccgact cccaggcca cgtgagctct ggggtgggtt agggtaaagt 50020
ttaccccccc aatagcatca tgatgggtga ctggatttg tccgacaaag tacgattcag 50080
aagcacgctc ggcatataaa agttgctctg tggcaaagcg atcctggcgc actacggtaa 50140
aggcaatccc ggggtgaaat cccgttcgta gttgatgtgt aagagatatt ggtgtaaact 50200
taaaataccc tccaagaaga gaatatgtaa gagtattaaa atccgactta ctatgcgtta 50260
catggtaggc aacgggttgg cgtatagttg cgtgggtggt ggctcccaga aaaggaggga 50320
ttgggtgtac catTTTTGCC aaaacccgcc tagcatttgt cattccacgc aatgatgcca 50380
aatgttccgg acatgcaaac agagggttga ccggaacggg ataaaaaaaa gtacccgttg 50440
caatggtttc atcgtacgcc tgatatgcca tcataataag gccatggtaa agcgctccgt 50500
catatattct catatttctg gttgttgccg tggcggctcc cgcacgggg gcgcttgata 50560
ctaaaatggc cgtcgttcgt tcagccatat ctccattaa ctctttagt gtgagcaatg 50620
catcaccatc aacggttagg tgtgcattat ggaagtaaac gttaagagag ttcggaacga 50680
gttggtgtgc gtgaagaggg tgtcttggt cttctgggg agttggggct tcttcatcag 50740
cgggaatttc cggaacgata actgcctgta acgcagggt taggcgatca taacgcacgc 50800
ccattgtaca acaggaaccg cgggaaaatg caggaatgac aatatagtag taaatcttgg 50860
agagaatacc ccattcacgg tcatgggtgt gagtaatggg aataccctga cccgtgtctc 50920
cccgaacggg tctcccgttg attaacacat tatcgcgtcg ttggaagtta tgcccggcca 50980
tatccacaaa gtgaagggt tggtatccgt ttcgcccgt tacacgaatt gcggggagtc 51040
ggtctcgggc ggcttcatca cggtatatata acgcatcaca atcccataga ataggtgcaa 51100
taaacgtgtc atccgtaagg atgttattta gcgttccga ggtctcgccg ttatggccct 51160
ctccttgtat tgtaaaatcg gttatagttt ggcgtaatgc tcttacctg tcagtaaat 51220

cccgatatat attaatacag acttcgggaa gctcaccgtt tccgagatat gtagttatgt 51280
acattaacat gtgaaagtta ttacaaatg ccaccctgtg ggattgctcc caatacccgc 51340
gaatacactg tgtaacagt cgcagtaacg cacagaagtt tctttcgttt ccatgaataa 51400
cagcctctag catgtagaaa atagttgggt atgcgcggtc ttcaaagtga tcctttacgg 51460
ctttaatggt tgccggggtc attgtatgtc ttcccaaacc gagttgggtt ccgcgacagt 51520
ctcgaaatga aatgggacat agaggcacgg gaatgtttcc gttgataatc cgtaatgttg 51580
cgtaacggt tggcatggct tccgggggac gctgcggtc gggaaggctt acgtccccg 51640
gtgcaacaaa aaaatcaaag gcgggggtta attcaaacct tagacgcggg ttgctcggag 51700
ctataaactg tagaattgtt aaatgttcgt ttaccaatg agggatgaat ggcatcatat 51760
ctgcccacgt ttccataaac ctccccattt gaacatccaa tgtgtcctct gtaccctcgg 51820
ccacgtatac accaaaataa cactgacgat ctaaagtgtt ttggcggagg gcaacaagt 51880
tggcctcgac atcaagcaat gaactgtggc agatgggtacc cattgcatca cgaagagtca 51940
actgtgttaa tatcccatct ttattataaa aaaaaatccc ttgggggtgga aattgacgtg 52000
gatcctgttc ggatacagtt gaaaaatcgc cggcgtgtcg tgtatatctg tccatggagt 52060
ttgcctgaaa cactcccatt ggcatgataa acgtaatatc tatatttcca ataagagggt 52120
aggcaacgcg cgtagcttgg tagaccgcc gttctaagtc ttctaagaat acaagtttat 52180
ccccaacaat cactaaatcc gcaggaacac gggcgttaac cggaagcca gctgtcgttg 52240
aatcggagtt ggattgtggg ggtatagacg gtatgtttaa cgtgttaggg tcggttatat 52300
caaggagatg gcgggctaca tcatccattc cgcggacggc ctttcccatc acaaggcg 52360
ttaccaagtt tgtcccctgt agaaccattt cgccatatgt tactggtacg tcagcggcgg 52420
tgtcgtcaat ttgtaaaatt ccctgtaata gttgccgttt taaggttgct gttgttacca 52480
acacaccgtc aacctgccgt ccgcgagtgt ttgtatgagt tattcgtgat accatcaccg 52540
atggttgggt gcacgaaacc atatccgaca gatacgcaga gatcagccta ggttccctgg 52600
cgtgtcgggt cataaaaaac atatccgcac agactctacg tttgaggtcc gaaagtaggg 52660
ccgcgcgtgc aacacgattt agatgtccct cgggttggaa ttatttaatt ggtgaaagca 52720

gcgatagcgg tggggctttc tccaatagaa caccaagaag ttgatcggca gtgcctcgtt 52780
caaattgagtc caaaacggtg cgtaaattac gagccatctg ttggatagct cttatacgta 52840
acgatgagtc aatctctgtc ccatcgacat atgtgttact taacaaactc aacgcttccg 52900
atgcaattgc aaacgcagcg cttaacgaac gcttgtgtat ccgcttaacc atataattat 52960
gaacaggctg atcgacggga tgtgggccat cacgtgctat catgggttgt tgtacctcaa 53020
attgaataac gccatctcgc acgtaagcca gctccgaaa tttagtagag atgcaagcga 53080
cagacagtcc aagtcttaga aaacgcacaa agtttaatgt attgcagtat gtcccaaaa 53140
gaatatcgaa ttgagccgag taaaggctgt tatcatctga tcgtatttgt ttaaaaaaat 53200
caaaaatgca acggtgtgca cacacctta tgggtgacag cacatttcca gttggaatga 53260
tccccgctgg gatgttaaata aaccagcaa tacgatcaga ttccgttgta gtaatcacgt 53320
tagcgggaca tgaaaccgtt gtcattttgt cagcagcgtt gcgacttgaa tccggacgtg 53380
taaactgtg cggaacaag aaaactgcga gaagtttgat gtagagtgga acatatgtat 53440
gggtgtttcc aagtaacacg ggggcggtaa ttataaatac ccaacattat ttttagactg 53500
aacaattata gtacatttat tgaaatggac taaaacgaaa tagatgtttt taacataaca 53560
cggacccaca cccttggccc aataaaggat accgtgtcca ccaaacagtc catagcgtaa 53620
ataactgccg ccattaccag taacacggct ggacttggac cccacgacac aggaagtatt 53680
tttgaaacgc tatctggaaa aataaccta ctttgcaagt gtccggtaat caaaaagaac 53740
acccgggtgt ctataaaaag agtataatac gccgtaatac aaaatagcat tgttcgagtc 53800
acaacaataa ttccaagcag cagttgctgg gatgtagata agggtagcag gtctgatcgt 53860
atatttctgt agacacacaa taacataata ataagtcgaa agtgatgtag aatcgtcaga 53920
agtaaccgg ctgtgaataa gagcatagc cgtgtcgctt tatagtaaaa aaaaaagaag 53980
atacaacata ttggttgaat caacaccgtg gatataatat aaaacacgga gtgttgcgta 54040
aacgccgacc tgtttacggg agatgtgcgg gtacatgcag agcttaatag taagtccgta 54100
tcaccccat acgataacat aaccatggtg ttataaagcg gtgaattatc actggattta 54160
cacacttttg cgtcctcttc ggggtgctgg ttaaccataa cgctaagcaa gtcctttgtc 54220

tgttccgaga cgcgggccttg ggggtgggttc ataacgttca gtcgcagttt atagtccaaa 54280
 gtaaaaatgt tgacaaagtt aaagccgata cttgtattat gtagaatata ccccgccctga 54340
 cagactgtta taacaccctc tctaaatgtt tacgtatgtt tggagcatgt cacatagctg 54400
 acgtgctaaa cggtaggagg tgtggttgat tggattgatt ggatcttttc atatgacgtt 54460
 aatgatacca cggtgttttg aatgtttgcg tgtagttata tattttctcat attcgggtgtg 54520
 gacctaaggt tggcgatcac acgatcacgg gacggcaagt tcgaggttaa tgttccgata 54580
 aacgcttttaa t atg gaa ttt cca tat cat tca acc gta tct tat aac 54627
 Met Glu Phe Pro Tyr His Ser Thr Val Ser Tyr Asn
 3045 3050 3055
 ggc gta acg ttt tat ttt aac gag cgt gct acc agg gcg tat ttt 54672
 Gly Val Thr Phe Tyr Phe Asn Glu Arg Ala Thr Arg Ala Tyr Phe
 3060 3065 3070
 ata tgc ggg gga tgc tta att tcc ata ccc cgc aaa cat gga ggc 54717
 Ile Cys Gly Gly Cys Leu Ile Ser Ile Pro Arg Lys His Gly Gly
 3075 3080 3085
 gag atc gca aaa ttt gga cat gtt gtt cgc ggg gtc gga ccc ggt 54762
 Glu Ile Ala Lys Phe Gly His Val Val Arg Gly Val Gly Pro Gly
 3090 3095 3100
 gac aga tct gtt gcc agt tac gtt cga agt gag ctc aat cgc acc 54807
 Asp Arg Ser Val Ala Ser Tyr Val Arg Ser Glu Leu Asn Arg Thr
 3105 3110 3115
 ggg aag aca tgg gcg gta tca tcc aat aat aac tgc gtg ttt ttg 54852
 Gly Lys Thr Trp Ala Val Ser Ser Asn Asn Asn Cys Val Phe Leu
 3120 3125 3130
 gat cga gtg gcc tta ctt gca gcg gga tcg ggg gcg gtg gat cgc 54897
 Asp Arg Val Ala Leu Leu Ala Ala Gly Ser Gly Ala Val Asp Arg
 3135 3140 3145
 gac ctt tgc gga aca ttt gat gtt gaa gtg gag gac cct acg ctc 54942
 Asp Leu Cys Gly Thr Phe Asp Val Glu Val Glu Asp Pro Thr Leu
 3150 3155 3160
 gca gat tat ctc gtg tcc ctc ccc gtg acg cat tta aca ttg gtg 54987
 Ala Asp Tyr Leu Val Ser Leu Pro Val Thr His Leu Thr Leu Val
 3165 3170 3175
 gcg ggg gta gat gtt acg cgc gag aat aag cta aaa ttg ttt cca 55032

Ala Gly Val Asp	Val Thr Arg Glu Asn	Lys Leu Lys Leu Phe Pro	
3180	3185	3190	
aca ccc acc gcc	att aat acc aca aat	ggc ttt atg tac gta cca	55077
Thr Pro Thr Ala	Ile Asn Thr Thr Asn	Gly Phe Met Tyr Val Pro	
3195	3200	3205	
aac gaa gcc agt	ttt tca ttg gtg tat	atg cgt atg ttg gag tta	55122
Asn Glu Ala Ser	Phe Ser Leu Val Tyr	Met Arg Met Leu Glu Leu	
3210	3215	3220	
cca gaa agt ttg	cag gag cta gtg agt	gga tta ttc gac ggg acg	55167
Pro Glu Ser Leu	Gln Glu Leu Val Ser	Gly Leu Phe Asp Gly Thr	
3225	3230	3235	
ccc gag ata cga	gac gcg ctt aac gga	agt aac gac gat gaa aaa	55212
Pro Glu Ile Arg	Asp Ala Leu Asn Gly	Ser Asn Asp Asp Glu Lys	
3240	3245	3250	
aca agt ata att	gtt agt cgg cgc gct	gct gat gtg gtt acg gaa	55257
Thr Ser Ile Ile	Val Ser Arg Arg Ala	Ala Asp Val Val Thr Glu	
3255	3260	3265	
gac gta aaa gca	gat gat gtg ccg att	tcg ggt gaa ccg tat tct	55302
Asp Val Lys Ala	Asp Asp Val Pro Ile	Ser Gly Glu Pro Tyr Ser	
3270	3275	3280	
gag aaa cag cct	aga cgg cgt aag aag	tcc gat cat att aca cta	55347
Glu Lys Gln Pro	Arg Arg Arg Lys Lys	Ser Asp His Ile Thr Leu	
3285	3290	3295	
agt aac ttt gta	cag att agg acc atc	ccc cgg gta atg gac att	55392
Ser Asn Phe Val	Gln Ile Arg Thr Ile	Pro Arg Val Met Asp Ile	
3300	3305	3310	
tgg gat cct cgc	cat aaa gcc act act	cat tgt atc cgc gcg tta	55437
Trp Asp Pro Arg	His Lys Ala Thr Thr	His Cys Ile Arg Ala Leu	
3315	3320	3325	
tca tgt gcg gtt	ttt ttt gcg gac gag	gtt ata ttt aaa gcc aga	55482
Ser Cys Ala Val	Phe Phe Ala Asp Glu	Val Ile Phe Lys Ala Arg	
3330	3335	3340	
aaa tgg cct gga	ctt gaa gat gaa ctt	aat gaa gcc cgt gag acg	55527
Lys Trp Pro Gly	Leu Glu Asp Glu Leu	Asn Glu Ala Arg Glu Thr	
3345	3350	3355	
ata tat act gca	gtt gtt gcg gta tat	ggc gaa cgg ggg gaa ctt	55572
Ile Tyr Thr Ala	Val Val Ala Val Tyr	Gly Glu Arg Gly Glu Leu	
3360	3365	3370	

cca ttt ttc ggg cat gct tac gga cgt gat ctg acg tcc tgt caa Pro Phe Phe Gly His Ala Tyr Gly Arg Asp Leu Thr Ser Cys Gln 3375 3380 3385	55617
cgg ttc gtg att gtt caa tat ata ctg tct cgg tgg gaa gcg ttt Arg Phe Val Ile Val Gln Tyr Ile Leu Ser Arg Trp Glu Ala Phe 3390 3395 3400	55662
aat tgt tat gcc gtt att gaa gat tta acg cgt agt tat gtt aac Asn Cys Tyr Ala Val Ile Glu Asp Leu Thr Arg Ser Tyr Val Asn 3405 3410 3415	55707
gcg tta ccc agt gat gat gac acg gat caa gtt gct caa gat tta Ala Leu Pro Ser Asp Asp Asp Thr Asp Gln Val Ala Gln Asp Leu 3420 3425 3430	55752
ata cgg acc att gtg gat aca gca aac agc ctc ttg agg gaa gtg Ile Arg Thr Ile Val Asp Thr Ala Asn Ser Leu Leu Arg Glu Val 3435 3440 3445	55797
ggc ttt att ggc acg ttg gct gaa act ttg ttg ttc tta cca ctc Gly Phe Ile Gly Thr Leu Ala Glu Thr Leu Leu Phe Leu Pro Leu 3450 3455 3460	55842
ccc cag ctt ccc tgt tac aag gaa acg tca cat ctt gca aaa aag Pro Gln Leu Pro Cys Tyr Lys Glu Thr Ser His Leu Ala Lys Lys 3465 3470 3475	55887
gaa ggt gtg cga att tta cgc ctt gca aaa aca gga gtt ggt tta Glu Gly Val Arg Ile Leu Arg Leu Ala Lys Thr Gly Val Gly Leu 3480 3485 3490	55932
tcg gat act gtt ccg gtt gat gtt tct gtc acg gaa agg cat gag Ser Asp Thr Val Pro Val Asp Val Ser Val Thr Glu Arg His Glu 3495 3500 3505	55977
tat gag ata tcc cgg tac tta gat acc ctg tac tct gga gac ccc Tyr Glu Ile Ser Arg Tyr Leu Asp Thr Leu Tyr Ser Gly Asp Pro 3510 3515 3520	56022
tgc tat aac ggc gct gtg cgt cta tgc cgt tta ttg gga tca tca Cys Tyr Asn Gly Ala Val Arg Leu Cys Arg Leu Leu Gly Ser Ser 3525 3530 3535	56067
att ccc att gcc ctg tac tac aat aca ata tcg ggt aat gcc ttt Ile Pro Ile Ala Leu Tyr Tyr Asn Thr Ile Ser Gly Asn Ala Phe 3540 3545 3550	56112
gaa ccg tat ttt gct ggg agg cgt tat ata gca tat tta ggc gct	56157

Glu Pro Tyr Phe	Ala Gly Arg Arg Tyr	Ile Ala Tyr Leu Gly	Ala			
3555	3560	3565				
cta ttt ttt ggt	aga gtg cac caa aca	cca ttt ggg gac ggg	aaa	56202		
Leu Phe Phe Gly	Arg Val His Gln Thr	Pro Phe Gly Asp Gly	Lys			
3570	3575	3580				
aaa acc caa agg	tag tgtgtattat	tcgcgaataa agtattgtag	agaatacgtt	56257		
Lys Thr Gln Arg						
3585						
tatagtgact	ttttattata	catgtttttt	atgtcagagg	tattttatta	tattctcgaa	56317
ggcgggaatt	tccacataac	atccatccga	taataccaaa	ccccactacc	gccagaaacg	56377
cccctcctaa	agaggcccca	aggtattgtc	ccgacattcg	tatggcttgt	cgtcgttcga	56437
atcctagaag	cgttaccaca	gttccgtttg	gaaacaacaa	cacagcctta	gagtcatccc	56497
cgtgcatgtc	tggattgaag	gggtggaattg	tggagtttcc	catagcggct	agttgtcgtt	56557
ctgtatcttt	gctgtcaata	ataattatat	ccataatcgc	ccccgtgggt	agatacctaa	56617
gaaaaacact	tccgcaatac	aaacattctt	ttaaattgtc	cggatggggc	agtgcgaccg	56677
tctctatgac	accatgttca	gacacgcaag	tatccctgct	taaataaaca	acggatatgg	56737
ggttatatac	atccacatct	gccaggggaat	ataccaaacc	cctttgaggt	ttgtttcgtg	56797
taatcacata	actgtgtccc	tggacagctg	gaagaatgag	cacatattct	ccgttacgcg	56857
cggctgcac	ttgacacgta	aatacttctg	gtacatgggt	gtggagtata	tgcaaactct	56917
tggcagtcca	tgtggtaaaa	atcatcatgg	ttttaaatgc	cgcgtcgaat	atttcagatt	56977
cgtctagtgtg	ggtatgcaat	acctcgttaa	gtcctgggcg	tgttggtatt	gccgacagga	57037
gattcataac	atgaatctct	tccgtgaggt	ctgtacgaag	ggaaccata	caaggactgt	57097
atacgtttgg	tattgtaaac	atgtgttttg	aaggatttaa	gtatgccagg	ccttcttgta	57157
tgtaagtgc	tgcttgctg	gcgtgagctg	ccgtacacat	ggatgtcatt	aaaagcaaag	57217
ttgtgcgacc	gtctaatacc	cgagatgaat	tttctagtcc	ttcgcggaaa	ttaataaaaa	57277
tcattgaggc	aaaaaataaa	gcctgcctct	ctgtagcatt	taaattttgc	ttcacaagca	57337
gccccttgta	tatgctcatt	ataacacgcc	tggcgagaga	aagtgcattc	acatggctct	57397
gaccacggga	aagcgcgtat	gcggtcttta	gttgatcacg	ggcttcatca	tatgaaataa	57457

aataatcgac atttgcgggt tttacctgac caaaaagaag tgaaagttcg tcatgaagct 57517
gcgatggatc ggcaaagatc agatccgagg ttccggatat agtgttggga tgagctcctg 57577
ctcctatccg cattaaaatg taattaagga attttaattg atactgaaca tctacgatct 57637
catctaacag aaaatattct gtggtacggc ccatttccga caacgcaaaa attgatgtgg 57697
ctattcttgc ggcgatatgg taatagcttt cctcgtttat gtcatgttga tccgccttcg 57757
ttgtcatccg cagagcctcc gtgtgggcca tggataaatg atagcggtaa tccaaactct 57817
cttcgggata tgcgcatata tcgaccgtag catgctttga aaaattcata tccaaccac 57877
gtccaagtaa ataaactcga taagatggcc ccggatccgg acccggtgga tttagctgga 57937
accatgtggt gtcgcttgta accgcgttca gttttactgt atgtggtaca acaattaatt 57997
ctatcggtgg tccagaggat aaagaaatga gcgagctcat aaatcctaca ccaatatita 58057
cttcacacg acccgagtcg cttgtgagaa gcaccgaacc ggtggcccag tatcgaattg 58117
gccataccga cccaaaaagg ggaacgtgta ttctcaacgt tgagttggtg ataattgctt 58177
cggcagaaaa aaaagtatgt cgggcaaggg catcccatgt agcaaaatgc gctttatgtt 58237
ccagaatagt attcttgggg actgttgggc gagcgggtaa aagacttacc ccaaacggcc 58297
tttctgcagt tgctgcggtc tcagctcttt ccaaagcca tacaaggggg tttggtggga 58357
acgtagtaaa cgcaacaaga tgttgcgtag ttaaatacgg cgcaaacgaa ctgtcaaaga 58417
agctcacgtc ggggtgtcaca gggtgactaa gaaatccaaa acgtccagca ggaaacggtg 58477
ctcgatgttc tgctttgaaa tggatatggc ataacaagta ttttggaat ataaccagcc 58537
cgacgtctcc ttcgtgtgtt gtagggttaa ctttaacaat aaccaagaaa acgtgttttc 58597
tatcatttcc ccagtgaagt gatttaatga gttcttcac gaaaccagta ggataaaagg 58657
cttctaattt cagagacata ttacggtcgg aatattctcg tagaagagca gacatatgtc 58717
cgatagagcg agtcgcaggg gttggtgtta cgtaagattt attagccgtg gtccaaagag 58777
gaagaattac caccgctaaa actagcgcaa acatagtcgc tgttacttgc gctacaatat 58837
caccgcaacg ttatgcacac agcgtgcctt tacccttct caccaccaa caggcttggc 58897
ggcttttaat attaccactc cgttttaggg agataaaggc gggattaaag gatgtggtaa 58957

taaatgacgc atatataaaa aagaaaaaca cgtacacgcg agtatgacaa tgtgtatcat 59017
 ctttttactg gtacatacgt aaatactagg tatatttagg aagtgttgct ctgaacggca 59077
 ttaacaagct ctttcaatat attccatgca ccggaggaca tgtttgccgg ggtcatctgg 59137
 ggtagcagag tttttagtct ttgtgccgca tgctgggggtg tctgttctaa cgataatacg 59197
 aacggagaca tgcttcgtga gcagtttgaa aggggtctcca ttcccatgc ccataacggc 59257
 agaatatctc caaactctcc gcaaagctcc ggaagtttaa gcacggcgaa taacgtgtct 59317
 tcaatcccag gtacttcgcg tagttttata cactcggatt ttgttaattt ctgtttaaat 59377
 acatcattac aaaatgacag tgtgttccag cccgcgtgcc agttgttagt ttttaagaaat 59437
 ataattgtat taataagcat tatatataca tttctcagaa ccataacaaa cggcagatta 59497
 accgtttctc ccggtctggc ccgtttgctt actctggata aatgactggg gagtgaaacg 59557
 gtacaaacta ccaagttggt cccgggggggt tcagcgggaa gcgtaaaca taaccagga 59617
 agcgccgctg gggacatatc tcccactaag tatctggaca agggaaaaca tatagttgag 59677
 gcgattgggt gtcggtcgga taacataatt ttatacggct cttatttac ttgtacgaga 59737
 tccgatgtac ttgtgtccat caatgccgag attttcgcat gcataattgc atgcggagaa 59797
 cagaacaggc tctgaaaatg agccgtgagg cgttgtgcgt cttcaggcga aacgtctcca 59857
 ttaagacggc gagtttgtgt tccgtaaatt ccgcaaatgg cgtcctcccc tgcaaggtta 59917
 cgccaatacg acaggggctc cccaatgagt aagatccggt ttgggtttat tgcaaagtgg 59977
 tgtaaaaatt cttcggcggc ggttgttttt ccaattccat acgccccgtc caaataaata 60037
 cgcaaacgc ccatttttac atcggtttta tccgttgaca tgtttattgt agacaaacgc 60097
 gtcttaggtt atcttctggg acggaacttc aaat atg tcc gct agt cga att 60149
 Met Ser Ala Ser Arg Ile
 3590
 cgg gcc aag tgt ttt cgt ttg gga caa cgt tgc cac act cgt ttt 60194
 Arg Ala Lys Cys Phe Arg Leu Gly Gln Arg Cys His Thr Arg Phe
 3595 3600 3605
 tac gat gta ctc aaa aag gat att gat aac gta cgt cga ggt ttc 60239
 Tyr Asp Val Leu Lys Lys Asp Ile Asp Asn Val Arg Arg Gly Phe
 3610 3615 3620

gcg gac gcg ttc	aac ccg agg ctg gca	aaa ctc ctg tcg ccg tta	60284
Ala Asp Ala Phe	Asn Pro Arg Leu Ala	Lys Leu Leu Ser Pro Leu	
3625	3630	3635	
tcc cac gtg gat	gtt caa agg gct gta	cgc ata tca atg tcg ttt	60329
Ser His Val Asp	Val Gln Arg Ala Val	Arg Ile Ser Met Ser Phe	
3640	3645	3650	
gaa gta aat ttg	gga cgc cga cgc ccc	gat tgt gtt tgt att ata	60374
Glu Val Asn Leu	Gly Arg Arg Arg Pro	Asp Cys Val Cys Ile Ile	
3655	3660	3665	
caa acg gaa tcc	agt ggt gcc gga aag	acc gtt tgt ttt ata gtg	60419
Gln Thr Glu Ser	Ser Gly Ala Gly Lys	Thr Val Cys Phe Ile Val	
3670	3675	3680	
gaa tta aaa tct	tgc cgt ttt agc gct	aat ata cat acc cct act	60464
Glu Leu Lys Ser	Cys Arg Phe Ser Ala	Asn Ile His Thr Pro Thr	
3685	3690	3695	
aag tat cac cag	ttt tgc gag ggt atg	cgc cag ctg agg gat acc	60509
Lys Tyr His Gln	Phe Cys Glu Gly Met	Arg Gln Leu Arg Asp Thr	
3700	3705	3710	
atg gct tta ata	aag gaa acc aca ccc	acg gga tct gat gaa ata	60554
Met Ala Leu Ile	Lys Glu Thr Thr Pro	Thr Gly Ser Asp Glu Ile	
3715	3720	3725	
atg gtg acc ccc	ctc ctt gtg ttt gta	tct caa cgg ggt ctg aac	60599
Met Val Thr Pro	Leu Leu Val Phe Val	Ser Gln Arg Gly Leu Asn	
3730	3735	3740	
ctg tta cag gta	act cgg tta ccc cca	aag gtg att cat gga aac	60644
Leu Leu Gln Val	Thr Arg Leu Pro Pro	Lys Val Ile His Gly Asn	
3745	3750	3755	
ctt gtt atg cta	gcg tcg cat ttg gag	aat gta gcg gaa tat acc	60689
Leu Val Met Leu	Ala Ser His Leu Glu	Asn Val Ala Glu Tyr Thr	
3760	3765	3770	
ccc ccg ata agg	tcc gtt aga gag cga	aga cgt cta tgc aaa aag	60734
Pro Pro Ile Arg	Ser Val Arg Glu Arg	Arg Arg Leu Cys Lys Lys	
3775	3780	3785	
aaa att cac gta	tgt tct ctt gcg aaa	aag cgt gcg aaa tca tgc	60779
Lys Ile His Val	Cys Ser Leu Ala Lys	Lys Arg Ala Lys Ser Cys	
3790	3795	3800	
cat cgt tcc gct	tta aca aag ttt gaa	gaa aat gca gct tgt ggg	60824

His Arg Ser Ala Leu Thr Lys Phe Glu Glu Asn Ala Ala Cys Gly	
3805 3810 3815	
gtg gat tta ccc ctt aga agg cct tct tta ggt gct tgt ggt gga	60869
Val Asp Leu Pro Leu Arg Arg Pro Ser Leu Gly Ala Cys Gly Gly	
3820 3825 3830	
att tta caa agt ata acc ggg atg ttt tcc cat ggg taa gaaaacagct	60918
Ile Leu Gln Ser Ile Thr Gly Met Phe Ser His Gly	
3835 3840	
tttaaagcag taccggttta tattcacgcc agttgacttt gtttgctgca gacacc atg	60977
Met	
acg gcg aga tat ggg ttc gga tct atc tcg ttt ccg aat aaa tgt	61022
Thr Ala Arg Tyr Gly Phe Gly Ser Ile Ser Phe Pro Asn Lys Cys	
3845 3850 3855	
ggg ata ttt ttg tct acc act aag aac ttt ata gcc ccc aac ttc	61067
Gly Ile Phe Leu Ser Thr Thr Lys Asn Phe Ile Ala Pro Asn Phe	
3860 3865 3870	
ccc ata cac tac tgg acg gct ccc gcg ttt gag tta aga ggg cgt	61112
Pro Ile His Tyr Trp Thr Ala Pro Ala Phe Glu Leu Arg Gly Arg	
3875 3880 3885	
atg aat ccc gat ttg gaa aaa aat acg tta acg tta aaa aat gcg	61157
Met Asn Pro Asp Leu Glu Lys Asn Thr Leu Thr Leu Lys Asn Ala	
3890 3895 3900	
gcg gcc gtt gcc gca tta gac aac ctt cgc ggg gaa acg att acg	61202
Ala Ala Val Ala Ala Leu Asp Asn Leu Arg Gly Glu Thr Ile Thr	
3905 3910 3915	
tta cca acg gaa ata gat cgt cgt tta aag ccc ctc gaa gaa caa	61247
Leu Pro Thr Glu Ile Asp Arg Arg Leu Lys Pro Leu Glu Glu Gln	
3920 3925 3930	
cta acg cgc atg gcc aag gtt ttg gat tcc ctg gag acg gct gct	61292
Leu Thr Arg Met Ala Lys Val Leu Asp Ser Leu Glu Thr Ala Ala	
3935 3940 3945	
gcc gag gcg gaa gaa gca gat gca caa tct gag gaa tgt aca cgt	61337
Ala Glu Ala Glu Glu Ala Asp Ala Gln Ser Glu Glu Cys Thr Arg	
3950 3955 3960	
aca gaa ata ata cgc aat gag tct ata cac ccc gag gta cag att	61382
Thr Glu Ile Ile Arg Asn Glu Ser Ile His Pro Glu Val Gln Ile	
3965 3970 3975	

gcc aaa aat gat gca ccg ttg cag tac gat aca aac ttt caa gtg 61427
Ala Lys Asn Asp Ala Pro Leu Gln Tyr Asp Thr Asn Phe Gln Val
3980 3985 3990

gat ttt atc acc ctg gtg tac ttg gga agg gca agg ggc aat aac 61472
Asp Phe Ile Thr Leu Val Tyr Leu Gly Arg Ala Arg Gly Asn Asn
3995 4000 4005

tct cca ggg att gtt ttc ggg cca tgg tat cgt act ctg cag gaa 61517
Ser Pro Gly Ile Val Phe Gly Pro Trp Tyr Arg Thr Leu Gln Glu
4010 4015 4020

cgg ctt gtg tta gat agg ccc gta gct gca cgc gga gtt gat tgt 61562
Arg Leu Val Leu Asp Arg Pro Val Ala Ala Arg Gly Val Asp Cys
4025 4030 4035

aaa gac ggg cgc att tcc cgt acg ttt atg aac aca acg gta aca 61607
Lys Asp Gly Arg Ile Ser Arg Thr Phe Met Asn Thr Thr Val Thr
4040 4045 4050

tgt cta cag tcc gcc ggg aga atg tat gtt gga gat aga gcg tac 61652
Cys Leu Gln Ser Ala Gly Arg Met Tyr Val Gly Asp Arg Ala Tyr
4055 4060 4065

tcc gcg ttc gag tgt gcg gta tta tgt tta tat tta atg tat agg 61697
Ser Ala Phe Glu Cys Ala Val Leu Cys Leu Tyr Leu Met Tyr Arg
4070 4075 4080

aca tct aat agt gtc cac gaa cct caa gtt tcg tcc ttc ggg aac 61742
Thr Ser Asn Ser Val His Glu Pro Gln Val Ser Ser Phe Gly Asn
4085 4090 4095

ctt ata gag cac cta ccg gaa tat act gag aca ttt gtg aat tat 61787
Leu Ile Glu His Leu Pro Glu Tyr Thr Glu Thr Phe Val Asn Tyr
4100 4105 4110

atg aca aca cac gaa aat aaa aac agt tat caa ttt tgc tat gat 61832
Met Thr Thr His Glu Asn Lys Asn Ser Tyr Gln Phe Cys Tyr Asp
4115 4120 4125

cgt cta cca cgc gac cag ttt cat gct cgt ggg ggg cgg tat gat 61877
Arg Leu Pro Arg Asp Gln Phe His Ala Arg Gly Gly Arg Tyr Asp
4130 4135 4140

caa ggc gcc tta acg tca cat tct gtt atg gat gcg ctt ata cgg 61922
Gln Gly Ala Leu Thr Ser His Ser Val Met Asp Ala Leu Ile Arg
4145 4150 4155

ttg cag gtc cta ccg cct gca cct gga cag ttt aat cct ggg gtt 61967

Leu 4160	Gln	Val	Leu	Pro	Pro	Ala	Pro	Gly	Gln	Phe	Asn	Pro	Gly	Val	
						4165				4170					
aat 4175	gac	att	att	gat	cgc	aat	cat	acc	gca	tat	gtg	gac	aag	att	62012
Asn	Asp	Ile	Ile	Asp	Arg	Asn	His	Thr	Ala	Tyr	Val	Asp	Lys	Ile	
					4180					4185					
caa 4190	cag	gcg	gcc	gcg	gcg	tat	tta	gaa	cgg	gcc	caa	aac	gtg	ttt	62057
Gln	Gln	Ala	Ala	Ala	Ala	Tyr	Leu	Glu	Arg	Ala	Gln	Asn	Val	Phe	
					4195					4200					
ctt 4205	atg	gaa	gac	caa	act	cta	tta	agg	tta	aca	att	gac	acg	att	62102
Leu	Met	Glu	Asp	Gln	Thr	Leu	Leu	Arg	Leu	Thr	Ile	Asp	Thr	Ile	
					4210					4215					
acg 4220	gcg	tta	tta	tta	tta	agg	cgc	tta	tta	tgg	aac	ggg	aac	gta	62147
Thr	Ala	Leu	Leu	Leu	Leu	Arg	Arg	Leu	Leu	Trp	Asn	Gly	Asn	Val	
					4225					4230					
tac 4235	gga	gat	aaa	cta	aaa	aat	aat	ttt	caa	ctg	ggt	ttg	att	gtg	62192
Tyr	Gly	Asp	Lys	Leu	Lys	Asn	Asn	Phe	Gln	Leu	Gly	Leu	Ile	Val	
					4240					4245					
tca 4250	gaa	gca	aca	gga	acc	cct	acc	aac	aat	gta	atc	ttg	cgc	gga	62237
Ser	Glu	Ala	Thr	Gly	Thr	Pro	Thr	Asn	Asn	Val	Ile	Leu	Arg	Gly	
					4255					4260					
gcg 4265	acg	ggg	ttt	gat	ggg	aag	ttt	aaa	agc	ggt	aat	aat	aac	ttt	62282
Ala	Thr	Gly	Phe	Asp	Gly	Lys	Phe	Lys	Ser	Gly	Asn	Asn	Asn	Phe	
					4270					4275					
caa 4280	ttt	tta	tgt	gaa	cga	tat	ata	gca	cca	ctg	tat	acg	tta	aat	62327
Gln	Phe	Leu	Cys	Glu	Arg	Tyr	Ile	Ala	Pro	Leu	Tyr	Thr	Leu	Asn	
					4285					4290					
cgg 4295	acc	aca	gag	ctg	act	gaa	atg	ttt	cct	gga	tta	ggt	gct	ctt	62372
Arg	Thr	Thr	Glu	Leu	Thr	Glu	Met	Phe	Pro	Gly	Leu	Val	Ala	Leu	
					4300					4305					
tgt 4310	tta	gac	gcg	cat	acc	cag	ctt	agt	cgt	gga	agt	tta	gga	aga	62417
Cys	Leu	Asp	Ala	His	Thr	Gln	Leu	Ser	Arg	Gly	Ser	Leu	Gly	Arg	
					4315					4320					
acc 4325	gta	ata	gat	att	tct	tct	gga	cag	tac	caa	gat	cgg	ctc	ata	62462
Thr	Val	Ile	Asp	Ile	Ser	Ser	Gly	Gln	Tyr	Gln	Asp	Arg	Leu	Ile	
					4330					4335					
agc 4340	tta	att	gca	ttg	gaa	tta	gaa	cac	cgc	cga	caa	aat	gtt	aca	62507
Ser	Leu	Ile	Ala	Leu	Glu	Leu	Glu	His	Arg	Arg	Gln	Asn	Val	Thr	
					4345					4350					

tcc cta ccc ata gcc gcc	gtg gta tca ata cat	gac agt gtt atg	62552
Ser Leu Pro Ile Ala Ala	Val Val Ser Ile His	Asp Ser Val Met	
4355	4360	4365	
ttg caa tat gaa cgg gga	ctt gga atg tta atg	cac caa ccg cgt	62597
Leu Gln Tyr Glu Arg Gly	Leu Gly Met Leu Met	His Gln Pro Arg	
4370	4375	4380	
gta agg gcg gca ttg gaa	gaa agt cgc cgc ctt	gcg cag ttc aac	62642
Val Arg Ala Ala Leu Glu	Glu Ser Arg Arg Leu	Ala Gln Phe Asn	
4385	4390	4395	
gtt aac agt gac tat gat	ctt cta tat ttt gtc	tgt ttg ggt gtc	62687
Val Asn Ser Asp Tyr Asp	Leu Leu Tyr Phe Val	Cys Leu Gly Val	
4400	4405	4410	
att cct cag ttt gcc tcc	aca ccg tga gtattcacta	tccgggtccgt	62734
Ile Pro Gln Phe Ala Ser	Thr Pro		
4415	4420		
ggggtgttta ta atg gct gct	gaa gct gac gaa gag	aac tgt gaa gcg	62782
Met Ala Ala	Glu Ala Asp Glu Glu	Asn Cys Glu Ala	
	4425	4430	
tta tac gtg gct ggg tat	tta gcc tta tat tca	aag gac gaa ggg	62827
Leu Tyr Val Ala Gly Tyr	Leu Ala Leu Tyr Ser	Lys Asp Glu Gly	
4435	4440	4445	
gaa tta aat att acc cca	gag att gtg cgg tcc	gct ttg ccg cct	62872
Glu Leu Asn Ile Thr Pro	Glu Ile Val Arg Ser	Ala Leu Pro Pro	
4450	4455	4460	
act agt aaa ata cca ata	aac atc gat cat cga	aaa gac tgt gtc	62917
Thr Ser Lys Ile Pro Ile	Asn Ile Asp His Arg	Lys Asp Cys Val	
4465	4470	4475	
gtg ggt gaa gta atc gca	atc att gag gac ata	cgc gga cct ttt	62962
Val Gly Glu Val Ile Ala	Ile Ile Glu Asp Ile	Arg Gly Pro Phe	
4480	4485	4490	
ttt ttg ggt atc gtt aga	tgc cct caa cta cat	gcg gtg ctg ttt	63007
Phe Leu Gly Ile Val Arg	Cys Pro Gln Leu His	Ala Val Leu Phe	
4495	4500	4505	
gaa gcg gcc cat tcg aat	ttt ttt gga aat aga	gat tct gta tta	63052
Glu Ala Ala His Ser Asn	Phe Phe Gly Asn Arg	Asp Ser Val Leu	
4510	4515	4520	
tct ccg cta gaa cgt gcg	tta tac ttg gtc aca	aat tac tta ccc	63097

Ser 4525	Pro	Leu	Glu	Arg	Ala	Leu	Tyr	Leu	Val	Thr	Asn	Tyr	Leu	Pro	
					4530					4535					
tcc	gta	tcc	ctg	tct	tca	aaa	cga	ttg	tcc	ccg	aat	gag	ata	cca	63142
Ser	Val	Ser	Leu	Ser	Ser	Lys	Arg	Leu	Ser	Pro	Asn	Glu	Ile	Pro	
4540					4545					4550					
gac	ggt	aat	ttt	ttt	acc	cat	gtt	gcg	tta	tgt	gtt	gtt	gga	aga	63187
Asp	Gly	Asn	Phe	Phe	Thr	His	Val	Ala	Leu	Cys	Val	Val	Gly	Arg	
4555					4560					4565					
cgc	gtt	gga	aca	gtg	gtc	aat	tat	gac	tgt	acc	ccg	gaa	tct	tca	63232
Arg	Val	Gly	Thr	Val	Val	Asn	Tyr	Asp	Cys	Thr	Pro	Glu	Ser	Ser	
4570					4575					4580					
att	gaa	cca	ttc	cgg	gtt	tta	tcg	atg	gaa	agt	aaa	gcg	cgg	tta	63277
Ile	Glu	Pro	Phe	Arg	Val	Leu	Ser	Met	Glu	Ser	Lys	Ala	Arg	Leu	
4585					4590					4595					
ttg	tcg	ctg	gtt	aaa	gac	tac	gcg	ggt	tta	aat	aaa	gta	tgg	aag	63322
Leu	Ser	Leu	Val	Lys	Asp	Tyr	Ala	Gly	Leu	Asn	Lys	Val	Trp	Lys	
4600					4605					4610					
gtt	agc	gaa	gat	aaa	ctc	gcc	aag	gtg	tta	tta	tcc	aca	gcc	gtg	63367
Val	Ser	Glu	Asp	Lys	Leu	Ala	Lys	Val	Leu	Leu	Ser	Thr	Ala	Val	
4615					4620					4625					
aac	aat	atg	ctt	tta	aga	gat	aga	tgg	gac	gtg	gtt	gca	aaa	cgt	63412
Asn	Asn	Met	Leu	Leu	Arg	Asp	Arg	Trp	Asp	Val	Val	Ala	Lys	Arg	
4630					4635					4640					
aga	cgc	gaa	gcc	gga	att	atg	ggt	cac	gtt	tat	ctt	cag	gct	agc	63457
Arg	Arg	Glu	Ala	Gly	Ile	Met	Gly	His	Val	Tyr	Leu	Gln	Ala	Ser	
4645					4650					4655					
acc	gga	tat	gga	ctt	gct	cgg	ata	acc	aac	gtt	aat	ggg	gtg	gag	63502
Thr	Gly	Tyr	Gly	Leu	Ala	Arg	Ile	Thr	Asn	Val	Asn	Gly	Val	Glu	
4660					4665					4670					
tct	aaa	tta	ccc	aac	gcg	ggt	gtt	ata	aac	gcc	aca	ttc	cac	ccc	63547
Ser	Lys	Leu	Pro	Asn	Ala	Gly	Val	Ile	Asn	Ala	Thr	Phe	His	Pro	
4675					4680					4685					
ggc	ggg	ccc	ata	tac	gat	ctc	gcg	ttg	ggt	gtt	ggg	gaa	tca	aat	63592
Gly	Gly	Pro	Ile	Tyr	Asp	Leu	Ala	Leu	Gly	Val	Gly	Glu	Ser	Asn	
4690					4695					4700					
gaa	gat	tgt	gaa	aag	act	gtt	ccg	cat	tta	aag	gtt	acg	cag	ttg	63637
Glu	Asp	Cys	Glu	Lys	Thr	Val	Pro	His	Leu	Lys	Val	Thr	Gln	Leu	
4705					4710					4715					

tgt Cys 4720	agg aac gac agc gat Arg Asn Asp Ser Asp 4725	atg gct tct gta gca ggt aac gct agt Met Ala Ser Val Ala Gly Asn Ala Ser 4730	63682
aat Asn 4735	atc tca cca cag ccc Ile Ser Pro Gln Pro 4740	ccg tcg ggc gtt cca acc gga ggg gaa Pro Ser Gly Val Pro Thr Gly Gly Glu 4745	63727
ttt Phe 4750	gta ctg ata cct acc Val Leu Ile Pro Thr 4755	gcg tat tat tca cag ctg tta acc ggg Ala Tyr Tyr Ser Gln Leu Leu Thr Gly 4760	63772
cag Gln 4765	act aaa aat ccg cag Thr Lys Asn Pro Gln 4770	gta tca att gga gct cca aat aac gga Val Ser Ile Gly Ala Pro Asn Asn Gly 4775	63817
cag Gln 4780	tat atc gtc ggg cca Tyr Ile Val Gly Pro 4785	tat gga tct cca cac ccg cct gcc ttc Tyr Gly Ser Pro His Pro Pro Ala Phe 4790	63862
cca Pro 4795	cct aat aca ggg ggt Pro Asn Thr Gly Gly 4800	tat ggt tgc cct ccg gga cac ttc ggg Tyr Gly Cys Pro Pro Gly His Phe Gly 4805	63907
gga Gly 4810	ccg tac ggg ttt ccg Pro Tyr Gly Phe Pro 4815	gga tat cca cca ccc aat cgt ttg gaa Gly Tyr Pro Pro Pro Asn Arg Leu Glu 4820	63952
atg Met 4825	caa atg tcc gca ttt Gln Met Ser Ala Phe 4830	atg aac gca ttg gcc gcc gaa cgg ggt Met Asn Ala Leu Ala Ala Glu Arg Gly 4835	63997
att Ile 4840	gac ttg cag acc ccg Asp Leu Gln Thr Pro 4845	tgt gta aat ttt cca gac aaa acc gat Cys Val Asn Phe Pro Asp Lys Thr Asp 4850	64042
gtc Val 4855	cgt cgt cca gga aaa Arg Arg Pro Gly Lys 4860	cgg gat ttc aag agc atg gat caa agg Arg Asp Phe Lys Ser Met Asp Gln Arg 4865	64087
gaa Glu 4870	ttg gat tct ttt tat Leu Asp Ser Phe Tyr 4875	agt ggg gag tct caa atg gac gga gag Ser Gly Glu Ser Gln Met Asp Gly Glu 4880	64132
ttt Phe 4885	ccc tca aat ata tat Pro Ser Asn Ile Tyr 4890	ttt ccc ggt gaa cca acg tat ata acg Phe Pro Gly Glu Pro Thr Tyr Ile Thr 4895	64177
cat	cgg aga cgt cga gtt	tct cca tca tat tgg cag agg aga cac	64222

His 4900	Arg Arg Arg Arg Arg	Val 4905	Ser Pro Ser Tyr Trp	Gln Arg Arg His 4910	
aga 4915	gtt tct aat ggt cag Arg Val Ser Asn Gly	cac gaa gag ctt gct Gln His Glu Glu Leu Ala	ggg gtt gtg gca Gly Val Val Ala	64267	
aaa 4930	ctg caa cag gag gtt Lys Leu Gln Gln Glu	aca gag cta aaa tca Thr Glu Leu Lys Ser	caa aat ggg aca Gln Asn Gly Thr	64312	
caa 4945	atg cct ttg tcg cac Gln Met Pro Leu Ser	cat aca aat ata cca His Thr Asn Ile Pro	gag ggg aca cgg Glu Gly Thr Arg	64357	
gat 4960	cct cga ata tcg att Asp Pro Arg Ile Ser	tta tta aaa cag ctt Leu Leu Lys Gln Leu	caa agc gtt tcg Gln Ser Val Ser	64402	
ggt 4975	cta tgc tca tcc caa Gly Leu Cys Ser Ser	aat aca aca agc acc Asn Thr Thr Ser Thr	cca cat aca gat Pro His Thr Asp	64447	
aca 4990	gtt gga caa gat gta Thr Val Gly Gln Asp	aat gca gtg gag gcg Asn Ala Val Glu Ala	agt tcc aag gcc Ser Ser Lys Ala	64492	
cct 5005	tta ata cag ggg tcc Pro Leu Ile Gln Gly	acg gca gac gac gcc Thr Ala Asp Asp	gat atg ttt gca Asp Met Phe Ala	64537	
aat 5020	cag atg atg gtg ggg Asn Gln Met Met Val	cggtgtt taa ccaacaaata Arg Cys	aaagtattac	64584	
attcataaaa ggcgtgtttg gttttttttt ttttgtttaag cggtgtcgtg ttaaacaac					64644
agaaggcgtt tttatgggtg gtaaggtttt atttaagtta aatttaatcg gtgtcagaat					64704
cttcatcccc tgatgatggt tgttctcgggt ctggaataat atatggcgcc atccattttt					64764
cctctgggggt atccggaac acacgcggga tgcaaaccga tcgaccggtt ataattctcca					64824
gtgccagtga aatatgacgg cccctggac atgtgtttta gtagtcgtat tggctgtcgc					64884
ggttaaggcg aaaaggtttc gttgcacatg ctcgacaggt tagctgtccc acagaacata					64944
cgtctcggggg tgtaccgtcg cggggttaatt gtaccggcgt gtgttctaac ctatcttcat					65004
aaatcgcggg gggagaatct tttactgttt cattgagact tgaagcgac tgtttggacg					65064

gatgatgtgc gatagacgac ggttgttgta gcgcgttaat gttagacgat tccataataa 65124
ccccgttaag atatcgggtg cggtagaggt acaaacgcg ttttgtatat tatcgggtat 65184
aaataccccc tgtgatgcgt aatggagaca catgagtaac gtaatacaca tttttattaa 65244
taaattaaaa caaacccctt ggctatttac acccccgtta cattctcggg gcgaacacgg 65304
gagtatcctc ggcgatttcg taaagcaagg ccggtaaagac gtgaagttaa aagggcgcta 65364
gtcttatttt ttttgcgggc tttagattct tggcgctcag ccgcagatac taacgtcata 65424
tatttaataca tttcctgggc ttctcgaaat ttatcgggat caaacccgtt atttaccgac 65484
ggttcagtgt tttgtgagtc gccaatctct tctattgggg tatcagtagc gttgggtttc 65544
tcggcaaagg gatccattcc ttccggtaac tgttttaacc ctttggttgt gagtggatat 65604
aatgccttca tcgggcttgt ttttaagtta agcacgtacc ggtacgcaaa aaaggccgct 65664
accagtcccg ccaaaaccaa taatcccacg gccaatgccc caaatgggtt agataaaaac 65724
gtggtaaadc cgtgtacggt ggaaagcagc gctcccgtgg cccaagaac cacatgtcca 65784
acggcctggc ccgcggtccc aagtccttgg aaaaactgag ccatgccctg cataatggcc 65844
gttccgctat catattgcac aaccttgtct atgtcataaa aacgcagcga atgcatttga 65904
tttcggcggt gaatttcaact gtagtctagt aatcctgtat cccgcagctc gtctcttgta 65964
tatacttgca gcggcataaa ctctctatct ttaagaagtg ttaagtttaa atctacgtaa 66024
gtgctaataca ttcccatatc atggactgcg atttcacgga cgtaacgata atcctcataa 66084
tatacgtagt gatgcccata tagaaaatat cgcttgtgat tagccacgca tggttctaac 66144
agatctcttg acataattaa ctcgttatct gttccaagct ggccctccac cgtcccggac 66204
ccatttaaac taactattga aattaaagga cggctataac aacgcgtagt actaccagat 66264
accctcatag agttttgaag tataatgcgt gtatctgata ccagttcttg acaattagaa 66324
acggagataa cgtcgccgag aatacagact ttaacacgtt gatccaaaat ggtgctcgtc 66384
aaagcacttg ggttaattgg aaatagtccg ctcaaaggg cgcgttcgcg atttttagtc 66444
tggcaccacg acgaggagat acgtgccaac atttcattaa catgctcttg aatgtggtca 66504
tatgtaaact ggagcatagc aaattccacc gatgaggtgg ttgttattgt tctattggca 66564

cgcaactcaa ctggcacgct tcgtcgggat ctggtatttc gagtcgggtg tttttgtggt 66624
gaatgattag tgttttcacg gaccaattct tggagataga gacgggag ggaattgctc 66684
agcaggggtt gaaacaccac aacaaacccc cctctggcaa ggtaggtctg gatatccccg 66744
gttctaacat gagatgagtt gtatctgggt gtatagatcc ggtaataat agcccgggct 66804
tcctccttta cacattgact gagatggatt tggtaagat taaactcgtt tgtttcactt 66864
ataaacgtgg tagaaagtgt tttcattgta aagcgaaaat tgtgtgcata ctcatcgca 66924
actacgtctt caacctcacg ccacttgaca agcgaacaaa cttccgttcg ttttggcttc 66984
cagttccaac caaccgttaa atgaggcgtg actaaaaagt tccgcgtgc aggttccagt 67044
aatgctctag tgtcaagatc cttttgtcta taacctcaa actggtgaaa acgatccatt 67104
gcataattgg aatgttctct gtatgcacca tccgtaggc caaaaaacgg ggacatgtat 67164
attatatctc ccgtggaaag tccaaaacta tcataaggga atattgatct ggcttcaact 67224
tcctcaatga tgcaattcac cgacgtgcc gtcctatatg ttcgggggt tccggcaacc 67284
atgtacgtgt cattggtagt atgcatgct ttggatccca cagaattata ttttgatgcg 67344
attagaggca tatcctgtgg atttttatcc tcattaaagg cttcaacttt gtggttattt 67404
cgtacgtacg ttgctttaga agaacacttg ccaacttat caatgggtgc cgtgatctct 67464
gaaacgggaa ttggtaccct atccgcatat ctattagtaa tttgcgtata agaacttccg 67524
gcccacgccg tgctaacgat aacatctttg taatataccg tcgccttaaa cttgtacgct 67584
gcaatgtttt ctttataaac aacagcaata ccctctgtaa agtttttacc aaggtgataa 67644
tccggacatg tccgagttgg ttctaactcg acgattgtgg agcctgttgg cgggtggcag 67704
acgtaaacg tgggttttgt ttggcgctcc tgggacttgt gtatagcttc tctgatttca 67764
tcaccatcgc ccagatgagc agaccgggtt atatcttctg attgtgtggg ctctacttgt 67824
aaactctcat aaaacgagct tggagagacc gacacaaccg ccgtaacaaa catagaaaat 67884
atgcataaaa agcataacca ccccccgta acggagggtta tgaaaacgcc ggggtccgtt 67944
aatccggagc cagccgctgc attaggggtgt atagaagaga aaaaacgtct gaatcgtaga 68004
ttacgacggt attctggctg atccctgttt ctccactttg aataatagcc acaaggggac 68064

atgtttcttc gtacgttaaa taaatgccgt ctaagggtcc gtgggaactg cctatacctt 68124
taggttgaga cgtgcacccg cgtggatcct tacctagacg gtcaacgcga cataaccgca 68184
cctccccaca atggaaaaca gaggtgaata gtgtgggtgc aaacacaagc tccctaatat 68244
atttccaggc aagtctctgt gcaaaagtaa cgccttctac cccagaaaag caataaaagc 68304
ccctaaatgg actgagaagc cagttggaac caacgacacc gcccataaac tttgccaatt 68364
cctcttttaa gtgcggaaat aggccaacgt tttccacggt aaaaaataag gcggtgttag 68424
ggggttgtgc aaaacggtgt tcatcgtgat taaacaatgg gccgttgacc aactcaaaaa 68484
atttatgtgt aagtgcaggt aacatagccg catctactgt atgtcgaact aaggtattcc 68544
ttataaatct atgtgcatca aaggccgctt cctgaatgcg attgtcgata atacaccctg 68604
cctgggaaac cttagctaaa aacacgtttc gtgccccaaa cccattttgc atcgaaacaa 68664
atgtctgcaa taaggcctct ccataaacgt ttaccctgag tgttttttct agctcttggc 68724
gctgttcgcg gatacatcta ccgaggctgg ttagagagcg cttagacaga tgttcaagat 68784
atactcgttt tctttccgca gcgtcaattt ttgctttgga taacagggttt tcccatccat 68844
gaacagcaaa agttatgcta ctatcatcgt tcagatcaca ttcggatgct gtagcgctgt 68904
cactcgccctc tttggttaaa tcatcctcac acccaactct ttctaaaagt tggcgtaagg 68964
cggcttcgtt atcatgactc gggttagaaa tgtgacgcat gagaggcgac gatagatgat 69024
gggcataaca ggctttaatt aatgcttcta tctgactgtc tggtagaggat gagcgattgc 69084
caaccaaact actatcaatt gcatccagag atccgagttc ttcagaaaac gccctatcaa 69144
agtgtatggg agtttttcca aataacgcca actcaaccgt tacggctgta agttctgcgt 69204
gtttttcatg ttcgtttaat acatccaaat tatcaacaaa cacgtctaaa gtacgttggg 69264
gtccttcagt ggaattagac gtaaccaga atttaagctc gctgatggcg tacatacacc 69324
gaggggcagg tttaaaaaca ttataagaat caagcatggg gctcgcaatt tcgtatgttt 69384
ggtcaaactg atcgttcttt gctcccatgg gattgactac cgtcttgggt tgaagtgttc 69444
gtaacgcttc aacggcggat tgacgtttga tatccggtac atcagggata tatggtaaac 69504
accgaataat atcgtcaaca tccacgttaa cccgaacttg cttagtaacg tgatcgaga 69564

tacatcctaa taatctacga tgtaaggtct caccttggtt agctgttata cataattctt 69624
caaaacatat agcacatgga tgcgccgat caaacaactc cacgggtggt attagaccgc 69684
ttcctatagt atctgtcata aaccgcgtca cggtttccaa tgtgttttagc gcctcacgag 69744
aagacgtgat aatatagcag taattaagct gttttaaaaa attctcaatg tcgtgtaaaa 69804
actgaatttc actcgatacg taacctccgt atgttggtta cgacagctca tggatgatatt 69864
ggcagggtttt taagttaaac gctgagacaa agtaatcttt gatacagttt gagtcttttag 69924
tctcaccata aacaaaacgc gttttaaaat gttagtagcaa ctcaaacaaa cgctcacctt 69984
ctccctttac ataacataat gcccaatgca gtgcacaaac cgtgggagtg tttccaaatt 70044
ttagctgggt attaaatccc cggagaaaca gctttaataa ataacgaact gtcaaacagt 70104
tagccgctaa ccgatataaa aagcgacacg ccacccttgg atcacatcga cgtagcagtt 70164
caacctgaaa gatgtacgta taaacttgac ccagtagaac caacaatgtt cgattaatat 70224
ccaattccat gttatcgggc tggtactgtc cactggactg taagctgaat ggttggagac 70284
acactatatt acaggtcata tgggtaagga ctacacacaa aaaaagaaaa cacaacagaa 70344
tatgtaatat tgacttggtt attacgtaca ctaccccgcg tgtgggcttt aattggataa 70404
agaggggaggt taaatcattt ccattgtaat gttcccatgt tttatgggaa taccactaag 70464
atcaaagagt tcgtcatctt cgggggggtcg ttttaagacca gggacagttg accctgaaat 70524
gtttgaccct gaaatgttta atacgttaga tgtgggtgtca tggcttggtt cacaagaatc 70584
aaaattaaat gctaggtttg tgggggtttc cccatctccc gctgtcgttt tttcatctag 70644
aatctttact gcttctagag cgccttctac ggtccagggc gttccaggg tttggataat 70704
ctggctgtgt aactcctcca agtctctggc taaaaactca tcgtctgtaa gacttaacca 70764
gtcgtcaaat gccatatgtt gtgctcgagc gccactgca cgcacaaccg tggcgtatat 70824
ggctaattga accatggccc cgccactgac aattataccg cgaacttggc cgcatagggt 70884
ggtttctcga tttcccgcag agggacctgt tacggggcag ataaaacctc ctctaggaca 70944
tgctattata aaacggcgag tgcgatcaaa tgtaaatagc gggcatacat ttttaccctt 71004
gtttaaacgc ctccaattcc ctgcctgaaa gacgcggttg tttcctgccg ctccgtgata 71064

tttactaatg cttattccta aaacgaccat gggacgttga ttcattggccg cgcggactaa 71124
atgagttgaa gtaaaagccg tagtccataa ttccggtaag ttttccgttt tttcaagaag 71184
cgcctttgct tgggttttcta tgtccgcggc ggacgtgaca tctttacgaa tccaatgcaa 71244
aacggatgat gggtcacgcg ggcgcctggc acccgtaatt atagaagtta aggtatttat 71304
aaggtactgt gaatgatcgc agtattttaag aataagattt gccatataaa actgggctaa 71364
ttctcctatg caggttgggg gtagattaat aaagttttatt gctgcatatt cctcggtaaa 71424
ccgtttaaca gctgcaatag tggtaatctc ttcgtgtgta agtttatctg ccggcatctg 71484
gttgcgttgt aacagggtcc aaaaccactg cgggttgggg gatttactgt ttggtggcat 71544
accccgagga aataacaggc cgtgaaactg ttttaagcaaa aaccctaggg ccccggtgaa 71604
catatccact cttttttctt ggcgttggta cgcacttgca aggcctacaa gccttgcccg 71664
ggctgcctca gagagatttg tacagttacc tgaaaaaacg accctatatt taactcgtat 71724
atcccgaata acttccacgc ttacgcgcgc taaatcccca tcaaaggtag gccccgcggg 71784
cgcgtcttgt cccaatgtcg gatttggggc ggatacagga ccttcagata atgttacggt 71844
tatagagcgt gttgatataa accccccatt aaacagggtca acaaaacgcc gccgcaaac 71904
aggttggaat tggttacgaa agttccgccc ctcaacttgc tgtccgtaaa atacacaatg 71964
acattggctt aatgctaagt cttgtaccac ggctagggtgt gttcgtttaa ctaaaaaatt 72024
ggtaatggga caaatgctc ctgagtatgg atcaaacgtt aacgccattg aatgggtggc 72084
ttcggataat ccttcacgga tcttataatc gcgggtctca accaacactt tcataaattg 72144
tgttgtgtc tgttctatac gcgcacgcag tgtgttcta atgcgacgaa acgttggatg 72204
atccacaatg acagacgata gtccctcgga agaacatggg gcaccgcgat ccagtagtcg 72264
ctcttgttct agatcgataa acaagcgtt tagtgtagcc ctataagtgt cctgcatggt 72324
tgcctttgct gcttccgttt gatccccggg ttttcgaagg attaaatatg gagcatagtt 72384
tcctagagga tcgcagtcgc tatattggct gttcattgtt ccaaacaccc caatagggtg 72444
acgggtggct tgtccaaatc gcggcatgcg ttgtctaagt cgggtgtactg ttgtgtgagc 72504
gcataccggc cgcgtgtgtt tttcacataa actacatgga atttcagagt caaagggtccc 72564

cgtaacatat tttaacgcat ccccgtagacc cctgttaaac gcaccagcgt cacagcggtc 72624
tagataaaaa agcagtcgcg ccaacagggg tgctccaaat ccacaaatga gtgccaaata 72684
atccacgcta aactctgtgt ttgatgaacc cgtagactga ctggatagaa cgtggccatc 72744
tcgatctgtt tggggattcg cagctaaatg aggtccggca aactggtaaa atcgattaaa 72804
tgatggaccc ggtcccccatt ccttggcttc ggtcatcccg ctatcctcca cctcagttag 72864
atacaacgca gaatttgggc tgaaaaccat cgcaccaatg accccggcca cacgagcggc 72924
atatgacccc agagcggtta gccttggcaa agtgcctcc atgcctataa acattggcca 72984
ttctttgata tctgttggag tttcttcgta aattccagtg ttgaatataa cttctgcgtg 73044
caaggctgtg tcagcggcca taatagacgc caaccgtctt tcaaaccccc ccgatgggct 73104
aggcttagac gtggagtga catcgtttcg acgcgctcca cgggcggtag tggttccact 73164
tgaagaggac tgaaaatacg tgtacgtaat gtcagggggg agtactgcc cctcgtgatt 73224
ttcatcaaaa gcaaggtagg ccgctcctcg ggcgacggca gttacatttc tgacgcgcaa 73284
ggcaacggcc atgggagcaa taacacagtc atgtattaaa tggcacaacc cgggtgttata 73344
aaagggtgtt ggggtatacaa aaccctctcc gatagacctg tgatgagtgt tgaatgggtc 73404
gggtaccaga cggttaacat cgggcatgaa aagtgtgacc ggaaataacg gtatacgtat 73464
aacatcccca tggttaatat gaacaatc gagtcctcca taatgcagaa acacgttgca 73524
cataaatacg gcttccttaa acaatgccgt gaccaccaag tataatattg tattttctgg 73584
ctctaacca aggcgggtgc atatctcagc gccggtcgtc tcaacagcac cgtcaacagg 73644
aggcccttgg cagcgtgaaa acccaaaccg ttctcgagcc gcgttacacg cgcgtgtgag 73704
atttggggcc gcggagctgg gtaaaacgtg ttgcctccg tgaaagacaa agacagatgg 73764
atagaaatga ctggtagtga gttttaaggc aataccagct ccggcaagac ccgtagtgcg 73824
tgctccagaa accaccgcca ggctggatgt aaaagttttt tccacgggtca aattacgcat 73884
caaaggtaat aaagccaaat cagagtcctg gctacgagcg gccaaaaatg aaatttcctc 73944
cagatccaaa tcttcaacc ggcacgcata aacgtaacc aggggccccg tgggcactgt 74004
cacagtcctc tgagtatttt ccattttggc gaagtactcg taataatggg gggttgttgg 74064

cagggtcaaa tgaccaccca aaaccagtc tgtcgataca ttaagaagag aggcttttaa	74124
acgggtatta catatgcgga aaccacaaca aatcacgtga ttacacttta tgtattagaa	74184
gggcgtgggg ttgtgttact cagtaacact ggctttttac aagattatca atcgttaaca	74244
taaa atg gcg atc aga acg ggg ttt tgt aat ccc ttt tta acc caa	74290
Met Ala Ile Arg Thr Gly Phe Cys Asn Pro Phe Leu Thr Gln	
5030 5035 5040	
gca tca ggg att aaa tat aac cca aga acc ggg cgc ggt agt aac	74335
Ala Ser Gly Ile Lys Tyr Asn Pro Arg Thr Gly Arg Gly Ser Asn	
5045 5050 5055	
aga gaa ttt ctt cat agt tac aaa act acc atg tca tcg ttt caa	74380
Arg Glu Phe Leu His Ser Tyr Lys Thr Thr Met Ser Ser Phe Gln	
5060 5065 5070	
ttt ttg gcc cct aaa tgt tta gat gaa gat gtg ccc atg gaa gaa	74425
Phe Leu Ala Pro Lys Cys Leu Asp Glu Asp Val Pro Met Glu Glu	
5075 5080 5085	
cga aag ggg gtt cac gtc ggt aca ctt agt cga ccg cct aaa gtt	74470
Arg Lys Gly Val His Val Gly Thr Leu Ser Arg Pro Pro Lys Val	
5090 5095 5100	
tac tgt aat gga aaa gaa gtt ccg att ctg gat ttt cgt tgt tcc	74515
Tyr Cys Asn Gly Lys Glu Val Pro Ile Leu Asp Phe Arg Cys Ser	
5105 5110 5115	
agc ccc tgg cct aga cgc gtg aat att tgg ggg gaa atc gac ttt	74560
Ser Pro Trp Pro Arg Arg Val Asn Ile Trp Gly Glu Ile Asp Phe	
5120 5125 5130	
cgt ggg gat aag ttt gac ccc cgc ttt aac aca ttc cat gta tat	74605
Arg Gly Asp Lys Phe Asp Pro Arg Phe Asn Thr Phe His Val Tyr	
5135 5140 5145	
gat att gtc gaa aca aca gaa gcc gcg tct aat gga gat gta tcc	74650
Asp Ile Val Glu Thr Thr Glu Ala Ala Ser Asn Gly Asp Val Ser	
5150 5155 5160	
cgg ttt gca act gca aca cga ccg ctt ggt acc gtt att act tta	74695
Arg Phe Ala Thr Ala Thr Arg Pro Leu Gly Thr Val Ile Thr Leu	
5165 5170 5175	
ctt ggc atg tcc cga tgt gga aaa agg gtg gca gtt cat gta tac	74740
Leu Gly Met Ser Arg Cys Gly Lys Arg Val Ala Val His Val Tyr	
5180 5185 5190	

ggc atc tgt caa tat ttt tat ata aac aaa gcc gag gtg gat acc	74785
Gly Ile Cys Gln Tyr Phe Tyr Ile Asn Lys Ala Glu Val Asp Thr	
5195 5200 5205	
gct tgt ggc ata cgt tcc ggt agc gag tta tct gta tta ctt gcc	74830
Ala Cys Gly Ile Arg Ser Gly Ser Glu Leu Ser Val Leu Leu Ala	
5210 5215 5220	
gag tgt tta cgc agt tct atg ata aca caa aat gat gca acg tta	74875
Glu Cys Leu Arg Ser Ser Met Ile Thr Gln Asn Asp Ala Thr Leu	
5225 5230 5235	
aat gga gac aag aac gct ttt cat ggt acc tcg ttt aaa agc gca	74920
Asn Gly Asp Lys Asn Ala Phe His Gly Thr Ser Phe Lys Ser Ala	
5240 5245 5250	
tct cca gaa agc ttt cgc gtt gag gtt att gag cgc aca gat gtt	74965
Ser Pro Glu Ser Phe Arg Val Glu Val Ile Glu Arg Thr Asp Val	
5255 5260 5265	
tat tac tac gat aca cag cca tgt gcg ttt tac agg gtg tat tct	75010
Tyr Tyr Tyr Asp Thr Gln Pro Cys Ala Phe Tyr Arg Val Tyr Ser	
5270 5275 5280	
ccc tca tct aaa ttt aca aat tat ctt tgt gat aac ttt cac ccg	75055
Pro Ser Ser Lys Phe Thr Asn Tyr Leu Cys Asp Asn Phe His Pro	
5285 5290 5295	
gag ttg aaa aag tat gaa ggt cgg gta gac gct acc act cgt ttt	75100
Glu Leu Lys Lys Tyr Glu Gly Arg Val Asp Ala Thr Thr Arg Phe	
5300 5305 5310	
cta atg gat aat ccc ggc ttt gtt agt ttt ggt tgg tat caa cta	75145
Leu Met Asp Asn Pro Gly Phe Val Ser Phe Gly Trp Tyr Gln Leu	
5315 5320 5325	
aaa cct gga gtt gat ggg gaa cgt gtt cga gtt cga ccg gca agt	75190
Lys Pro Gly Val Asp Gly Glu Arg Val Arg Val Arg Pro Ala Ser	
5330 5335 5340	
cgc caa tta acg tta agc gac gtt gaa att gac tgc atg tcg gat	75235
Arg Gln Leu Thr Leu Ser Asp Val Glu Ile Asp Cys Met Ser Asp	
5345 5350 5355	
aat ctg cag gct ata cca aac gat gac tca tgg cct gac tac aag	75280
Asn Leu Gln Ala Ile Pro Asn Asp Asp Ser Trp Pro Asp Tyr Lys	
5360 5365 5370	
ttg tta tgt ttc gat att gaa tgt aaa tca gga gga tct aat gag	75325

Leu Leu Cys Phe	Asp Ile Glu Cys Lys	Ser Gly Gly Ser Asn Glu	
5375	5380	5385	
ctg gcg ttt ccc	gat gca aca cat ctg	gag gat ctt gta atc caa	75370
Leu Ala Phe Pro	Asp Ala Thr His Leu	Glu Asp Leu Val Ile Gln	
5390	5395	5400	
att tct tgt cta	tta tat tca atc cct	cga cag tct tta gaa cac	75415
Ile Ser Cys Leu	Leu Tyr Ser Ile Pro	Arg Gln Ser Leu Glu His	
5405	5410	5415	
att tta ctg ttt	tcc ctt ggc tct tgt	gac tta cca caa agg tat	75460
Ile Leu Leu Phe	Ser Leu Gly Ser Cys	Asp Leu Pro Gln Arg Tyr	
5420	5425	5430	
gta caa gaa atg	aag gac gcg ggg tta	ccg gag ccg act gtg ctg	75505
Val Gln Glu Met	Lys Asp Ala Gly Leu	Pro Glu Pro Thr Val Leu	
5435	5440	5445	
gag ttt gat agt	gaa ttc gag cta tta	att gca ttt atg acc ctc	75550
Glu Phe Asp Ser	Glu Phe Glu Leu Leu	Ile Ala Phe Met Thr Leu	
5450	5455	5460	
gta aaa cag tac	gct ccc gag ttt gcc	aca ggt tat aac att gtt	75595
Val Lys Gln Tyr	Ala Pro Glu Phe Ala	Thr Gly Tyr Asn Ile Val	
5465	5470	5475	
aat ttt gat tgg	gcg ttt att atg gag	aaa ctt aat tct ata tac	75640
Asn Phe Asp Trp	Ala Phe Ile Met Glu	Lys Leu Asn Ser Ile Tyr	
5480	5485	5490	
agt ctc aag ctt	gat ggt tat ggc agt	ata aac cgt ggg ggt ctg	75685
Ser Leu Lys Leu	Asp Gly Tyr Gly Ser	Ile Asn Arg Gly Gly Leu	
5495	5500	5505	
ttt aag ata tgg	gat gtt ggc aaa tcc	gga ttt cag cga cga agc	75730
Phe Lys Ile Trp	Asp Val Gly Lys Ser	Gly Phe Gln Arg Arg Ser	
5510	5515	5520	
aag gta aag atc	aac ggt ctc ata tct	ctg gat atg tat gca att	75775
Lys Val Lys Ile	Asn Gly Leu Ile Ser	Leu Asp Met Tyr Ala Ile	
5525	5530	5535	
gca act gaa aaa	tta aaa ctc tcg agt	tat aaa tta gat tcg gtt	75820
Ala Thr Glu Lys	Leu Lys Leu Ser Ser	Tyr Lys Leu Asp Ser Val	
5540	5545	5550	
gca cgt gaa gct	cta aat gag tcc aag	aga gat ttg ccc tac aaa	75865
Ala Arg Glu Ala	Leu Asn Glu Ser Lys	Arg Asp Leu Pro Tyr Lys	
5555	5560	5565	

gac att ccg gga tat tac gct agt gga ccg aat aca cga gga att	75910
Asp Ile Pro Gly Tyr Tyr Ala Ser Gly Pro Asn Thr Arg Gly Ile	
5570 5575 5580	
att ggt gaa tat tgt ata caa gac tcg gct ctt gtg ggg aaa ctg	75955
Ile Gly Glu Tyr Cys Ile Gln Asp Ser Ala Leu Val Gly Lys Leu	
5585 5590 5595	
ttt ttt aaa tat tta cca cac ctt gag tta tcc gcg gtt gca agg	76000
Phe Phe Lys Tyr Leu Pro His Leu Glu Leu Ser Ala Val Ala Arg	
5600 5605 5610	
cta gct aga att act tta acc aag gct att tac gac gga cag cag	76045
Leu Ala Arg Ile Thr Leu Thr Lys Ala Ile Tyr Asp Gly Gln Gln	
5615 5620 5625	
gtt agg att tac acc tgt tta tta gga ctg gct tcg tct cga gga	76090
Val Arg Ile Tyr Thr Cys Leu Leu Gly Leu Ala Ser Ser Arg Gly	
5630 5635 5640	
ttt att tta ccc gat ggg gga tac cca gct act ttt gaa tat aag	76135
Phe Ile Leu Pro Asp Gly Gly Tyr Pro Ala Thr Phe Glu Tyr Lys	
5645 5650 5655	
gat gtt att ccc gat gtc ggg gat gtt gag gaa gag atg gat gaa	76180
Asp Val Ile Pro Asp Val Gly Asp Val Glu Glu Glu Met Asp Glu	
5660 5665 5670	
gac gag agc gtt tct ccc act ggt acg tca agt ggg cga aat gta	76225
Asp Glu Ser Val Ser Pro Thr Gly Thr Ser Ser Gly Arg Asn Val	
5675 5680 5685	
gga tat aaa gga gcc agg gtt ttt gac cct gat acg gga ttt tat	76270
Gly Tyr Lys Gly Ala Arg Val Phe Asp Pro Asp Thr Gly Phe Tyr	
5690 5695 5700	
atc gat ccg gtg gtc gta ttg gat ttt gca agt tta tat cca agt	76315
Ile Asp Pro Val Val Val Leu Asp Phe Ala Ser Leu Tyr Pro Ser	
5705 5710 5715	
ata att cag gcc cat aac tta tgt ttt acc acg cta acg tta aat	76360
Ile Ile Gln Ala His Asn Leu Cys Phe Thr Thr Leu Thr Leu Asn	
5720 5725 5730	
ttt gag acg gtt aaa cgt ttg aat cca tcc gat tat gcc acc ttt	76405
Phe Glu Thr Val Lys Arg Leu Asn Pro Ser Asp Tyr Ala Thr Phe	
5735 5740 5745	
aca gtt gga gga aaa cgt ctt ttt ttt gtg cgc tct aac gtt cga	76450

Thr Val Gly Gly	Lys Arg Leu Phe Phe	Val Arg Ser Asn Val Arg	
5750	5755	5760	
gaa agt ctg ctg	ggt gtt ctt tta aaa	gac tgg ttg gct atg cgc	76495
Glu Ser Leu Leu	Gly Val Leu Leu Lys	Asp Trp Leu Ala Met Arg	
5765	5770	5775	
aag gct att aga	gcg cgc ata ccc gga	agt tct tca gat gaa gca	76540
Lys Ala Ile Arg	Ala Arg Ile Pro Gly	Ser Ser Ser Asp Glu Ala	
5780	5785	5790	
gtg tta tta gac	aaa caa caa gcc gcg	ata aaa gta gtt tgt aat	76585
Val Leu Leu Asp	Lys Gln Gln Ala Ala	Ile Lys Val Val Cys Asn	
5795	5800	5805	
tcc gtg tac ggt	ttt act gga gtt gcg	cag gga ttt ctg cca tgt	76630
Ser Val Tyr Gly	Phe Thr Gly Val Ala	Gln Gly Phe Leu Pro Cys	
5810	5815	5820	
tta tac gta gcg	gcc act gtc act aca	att ggc cgt caa atg tta	76675
Leu Tyr Val Ala	Ala Thr Val Thr Thr	Ile Gly Arg Gln Met Leu	
5825	5830	5835	
tta agt acc aga	gat tat att cat aat	aac tgg gcc gca ttt gaa	76720
Leu Ser Thr Arg	Asp Tyr Ile His Asn	Asn Trp Ala Ala Phe Glu	
5840	5845	5850	
cgt ttt att aca	gcg ttt cca gac att	gaa agt agc gtt ctc tcc	76765
Arg Phe Ile Thr	Ala Phe Pro Asp Ile	Glu Ser Ser Val Leu Ser	
5855	5860	5865	
caa aaa gcg tac	gag gta aag gtt ata	tat gga gat acg gat tct	76810
Gln Lys Ala Tyr	Glu Val Lys Val Ile	Tyr Gly Asp Thr Asp Ser	
5870	5875	5880	
gtg ttt atc cga	ttc aag ggt gtt agt	gtt gag ggg ata gct aaa	76855
Val Phe Ile Arg	Phe Lys Gly Val Ser	Val Glu Gly Ile Ala Lys	
5885	5890	5895	
atc ggc gag aaa	atg gca cat ata att	tca acg gct ctg ttt tgt	76900
Ile Gly Glu Lys	Met Ala His Ile Ile	Ser Thr Ala Leu Phe Cys	
5900	5905	5910	
cct cct ata aag	ttg gag tgt gaa aaa	act ttt ata aaa ctt ttg	76945
Pro Pro Ile Lys	Leu Glu Cys Glu Lys	Thr Phe Ile Lys Leu Leu	
5915	5920	5925	
ctt ata aca aag	aaa aag tac att ggg	gta att tac ggc gga aag	76990
Leu Ile Thr Lys	Lys Lys Tyr Ile Gly	Val Ile Tyr Gly Gly Lys	
5930	5935	5940	

gtt tta atg aag	gga gtc gac ttg gtt	aga aaa aac aac tgt	caa	77035
Val Leu Met Lys	Gly Val Asp Leu Val	Arg Lys Asn Asn Cys	Gln	
5945	5950	5955		
ttt att aac gat	tat gcc cgc aaa ctt	gta gaa ctg ttg tta	tat	77080
Phe Ile Asn Asp	Tyr Ala Arg Lys Leu	Val Glu Leu Leu Leu	Tyr	
5960	5965	5970		
gac gac acc gtc	tcg cgt gct gcg gcg	gag gcg tcg tgt gtt	tcc	77125
Asp Asp Thr Val	Ser Arg Ala Ala Ala	Glu Ala Ser Cys Val	Ser	
5975	5980	5985		
att gct gaa tgg	aat aga cgg gcc atg	ccg tct ggg atg gcc	ggg	77170
Ile Ala Glu Trp	Asn Arg Arg Ala Met	Pro Ser Gly Met Ala	Gly	
5990	5995	6000		
ttt gga cgc ata	att gca gat gca cat	cgc cag att aca tca	ccc	77215
Phe Gly Arg Ile	Ile Ala Asp Ala His	Arg Gln Ile Thr Ser	Pro	
6005	6010	6015		
aaa ttg gat att	aat aag ttt gtt atg	acg gcc gag ctt agt	cgt	77260
Lys Leu Asp Ile	Asn Lys Phe Val Met	Thr Ala Glu Leu Ser	Arg	
6020	6025	6030		
cca cca tcc gcc	tac ata aac cgt cgc	ttg gct cac tta aca	gta	77305
Pro Pro Ser Ala	Tyr Ile Asn Arg Arg	Leu Ala His Leu Thr	Val	
6035	6040	6045		
tat tat aaa tta	gta atg aga cag ggt	caa atc cca aac gtt	cga	77350
Tyr Tyr Lys Leu	Val Met Arg Gln Gly	Gln Ile Pro Asn Val	Arg	
6050	6055	6060		
gaa cgc atc cct	tat gtt att gtg gcc	ccc aca gac gaa gtg	gag	77395
Glu Arg Ile Pro	Tyr Val Ile Val Ala	Pro Thr Asp Glu Val	Glu	
6065	6070	6075		
gct gat gca aaa	agt gta gct ttg cta	cgt gga gat cct tta	cag	77440
Ala Asp Ala Lys	Ser Val Ala Leu Leu	Arg Gly Asp Pro Leu	Gln	
6080	6085	6090		
aat acc gca ggt	aaa cgg tgt ggg gaa	gca aag cgt aag tta	ata	77485
Asn Thr Ala Gly	Lys Arg Cys Gly Glu	Ala Lys Arg Lys Leu	Ile	
6095	6100	6105		
ata tct gac tta	gcg gaa gat ccc att	cac gta aca tca cac	ggg	77530
Ile Ser Asp Leu	Ala Glu Asp Pro Ile	His Val Thr Ser His	Gly	
6110	6115	6120		
ctg tct tta aac	att gac tat tat ttt	tct cat ctc att ggg	acg	77575

Leu Ser Leu Asn Ile Asp Tyr Tyr Phe Ser His Leu Ile Gly Thr	
6125 6130 6135	
gcg agt gta act ttt aag gcg tta ttt gga aac gac act aaa ctc	77620
Ala Ser Val Thr Phe Lys Ala Leu Phe Gly Asn Asp Thr Lys Leu	
6140 6145 6150	
aca gaa cgg ctt tta aaa cgt ttt att cca gag aca cga gtt gtt	77665
Thr Glu Arg Leu Leu Lys Arg Phe Ile Pro Glu Thr Arg Val Val	
6155 6160 6165	
aac gtt aaa atg cta aac cgc ttg cag gcg gca ggc ttt gtt tgt	77710
Asn Val Lys Met Leu Asn Arg Leu Gln Ala Ala Gly Phe Val Cys	
6170 6175 6180	
ata cac gcc ccg tgc tgg gat aat aaa atg aac act gaa gct gaa	77755
Ile His Ala Pro Cys Trp Asp Asn Lys Met Asn Thr Glu Ala Glu	
6185 6190 6195	
atc acc gag gag gaa caa agt cat caa ata atg cgt aga gtc ttt	77800
Ile Thr Glu Glu Glu Gln Ser His Gln Ile Met Arg Arg Val Phe	
6200 6205 6210	
tgt att cca aaa gca att ctc cat caa agt taa ggtcacacat	77843
Cys Ile Pro Lys Ala Ile Leu His Gln Ser	
6215 6220	
tttacagtaa acgtccgatg ttccaatgga tggcaccaca gtctctgttt gttgttctgg	77903
gttgcgacat accgacagta aaaatgttgt ctgccaaacg tgtgcgacta ttttataccc	77963
ccgacacgcg gcctgtatat gatcgattag tctgtaatgg aggtgaacag atttccccgg	78023
aaatataaca tacatcataa accctccggc atctccatca cgataaaaaa gtacgcgtat	78083
atctcgcgatg cccccctccc tcataatatg atacataaaa aataattccg gttgtgccaa	78143
tacgctcgac aataggggtt cagcggacgc tgcttgcgatg ttggctcggt ctgatagcgc	78203
caaatggat gcaagaaaca cacgatattc gtatatgttg ttaagctgct gaacatatgc	78263
tagtatcaga gccgcccgat cggttcgaca tagacgcggt tctccagatg cagtgcgatg	78323
cggacaataa cctccgagac ctaaatagata acccattccg gataacgaca ggcagttatc	78383
cgccactgtc tgaccaagt taaacggaag ggtgacaggg gtcgtcttaa taattggcac	78443
gattaagcct ctaacggtag ctagttcttc tgggggggac cttgcgatgt aattaaaata	78503
atggcggtag acagaccgct cttttgacat aagttttcct cgaatgggtt gacggcggca	78563

tggcgttictg gagcgtacac gcatcgaagg cccgctccga gatacggatt tatatcgccct 78623
agacatactt cgatagggtg tgttcgaggg agaccagcga tattgcatgt cgtcgaagca 78683
taagtcctcc atctcgtatg aatgcggcat tggcggttgg tttgcgtgga aaaatctggt 78743
aggctttaaa tgcatacgcc aatgtccaca ggccagcaca tacacgacct tcaaactctgt 78803
tttgtgcagc cagttgggct ttatataact ccaacacttc cttatccgcg gttgtaggat 78863
gggcaaataa aattttaggg tttgtctgta attccgagag agcgcatagg agatcgcaaa 78923
ataaatgttt atatacggcc tcggaacctg ctgcttttac aatggttatg aatcgacct 78983
catcattaaa tggaaattta agtttaatgg ggttatctag gtcctatgca ttgattacag 79043
gttcgataca gtcaaataaa cttgtgttat ttgctgagta tgctaataa tcccttttaa 79103
actgccgcaa agcgatccaa tagtgcccta tggttaataa acaacataac atgcattcgg 79163
tattcgtgcg accacggcac tttgcgtttt ttaaggtagt taacaaaata ggcccaaagt 79223
ctacttcggg acaggcatcc tcgctcgtaa atttgaaaaa ttgttttgga acgtccctgg 79283
agttttcaat ccggttcgcc tgccagtatg atttaacaca tccaacgcga gtttctatag 79343
cacaatttgt acgctcgtct acattccaag tagcaacccc actcagtaat aataaagcca 79403
agtctgcgta accccaagct gcttctacgt aagacgattt ttaagtttg tctattaata 79463
tatcttcaaa ctctatatcc tcttttaatg cacgttccgc gcaggtaatc atcccacttg 79523
tgcgatgttc cgatgatgaa cagtcaacca tccgcgcgca atctttccaa ttagccaagg 79583
cggccgctaa aggttgaggg cctccagtca gtccgtcctg attaaagtaa aatgacttac 79643
gcgtttcggg ttcgtctaaa cgagacgtgc tgatcgatag taatgcagcc ctaactaccg 79703
cctgtacaaa aaaggagtaa ttggaatata ttactttgtt ggccatttcc ttaccggggg 79763
gcggtcgtat acctggtaac cctccatcgg tacgaaaaca tacatgcaaa aaaaaatgtc 79823
tttgtatatc taacagggaa agcgtgcgcc tggcaaagga cccaacaaa gtaacgttat 79883
aacggcacag gtagtaacga tccataagat acacaaattc aaaggcagcg ctaaaagtga 79943
caactgcaca gggcggggat gccagacttt tcatacataa catggcgtag tccgcaacct 80003
attccggtgt cagtccaaat ttacgtttat acaaatcaag cgttctgcag accaaacagg 80063

cctctgtctaa cgccaaaacg tctccaattt cttctataaa ttcagtggta cttgaggtca	80123
tttcattatc cacacctacc gccgaagagg cctcataagt gacgttggtt tctattgcac	80183
ggggaacatt tattaagtgg gaggcaaata acaattctga aaataacaaa tcgtttttta	80243
gcagaagggc tggattataa gcg atg tac gaa tcg gaa aat gcg tcg gaa	80293
Met Tyr Glu Ser Glu Asn Ala Ser Glu	
6225 6230	
cac cat ccg gaa tta gaa gat gta ttt tcg gag aat acg ggc gat	80338
His His Pro Glu Leu Glu Asp Val Phe Ser Glu Asn Thr Gly Asp	
6235 6240 6245	
tcg aat cca tcc atg ggt tct tct gat tct acc cga tcc atc tct	80383
Ser Asn Pro Ser Met Gly Ser Ser Asp Ser Thr Arg Ser Ile Ser	
6250 6255 6260	
ggg atg agg gcc cgc gat tta att aca gac acc gat gtt aat cta	80428
Gly Met Arg Ala Arg Asp Leu Ile Thr Asp Thr Asp Val Asn Leu	
6265 6270 6275	
tta aat atc gat gca ctg gag tca aag tat ttt cct gct gat agc	80473
Leu Asn Ile Asp Ala Leu Glu Ser Lys Tyr Phe Pro Ala Asp Ser	
6280 6285 6290	
acc ttt act ctt tcc gtt tgg ttt gaa aat tta att ccc ccg gaa	80518
Thr Phe Thr Leu Ser Val Trp Phe Glu Asn Leu Ile Pro Pro Glu	
6295 6300 6305	
ata gaa gca att cta cct aca act gac gct caa tta aat tat ata	80563
Ile Glu Ala Ile Leu Pro Thr Thr Asp Ala Gln Leu Asn Tyr Ile	
6310 6315 6320	
tca ttt acc agt cgc ctg gcg tcc gtt tta aaa cat aaa gaa agt	80608
Ser Phe Thr Ser Arg Leu Ala Ser Val Leu Lys His Lys Glu Ser	
6325 6330 6335	
aac gat tca gaa aaa tct gct tat gtt gtt cca tgt gaa cat agt	80653
Asn Asp Ser Glu Lys Ser Ala Tyr Val Val Pro Cys Glu His Ser	
6340 6345 6350	
gcc agc gtg acc cgt cgc cgt gaa cgc ttt gcg gga gtc atg gcc	80698
Ala Ser Val Thr Arg Arg Arg Glu Arg Phe Ala Gly Val Met Ala	
6355 6360 6365	
aaa ttt cta gat ttg cat gaa ata ttg aag gat gct taa tacatgggga	80747
Lys Phe Leu Asp Leu His Glu Ile Leu Lys Asp Ala	
6370 6375	

aaataaacgc attaataagt cgtcaggggg tggatcactc caaactcctc ctatatccca 80807

cgataaatgg tctaaatact tcacgcgtgt gccttggttt gcaaccttag atcaat atg 80866
Met

tca cgg aga acg tat gta cgg agt gaa cgc agg agg ggt tgc gga 80911
Ser Arg Arg Thr Tyr Val Arg Ser Glu Arg Arg Arg Gly Cys Gly
6380 6385 6390

gat aat ctt tta caa cgt att cgg ttg gtg gta cca agc gct ctt 80956
Asp Asn Leu Leu Gln Arg Ile Arg Leu Val Val Pro Ser Ala Leu
6395 6400 6405

caa tgt tgc gat ggg gat ctt cca ata ttt gat cca caa cgc ccc 81001
Gln Cys Cys Asp Gly Asp Leu Pro Ile Phe Asp Pro Gln Arg Pro
6410 6415 6420

ccc gcc cgt tgt gtt ttt cag ttt aac ggc gaa gac aac gta tcc 81046
Pro Ala Arg Cys Val Phe Gln Phe Asn Gly Glu Asp Asn Val Ser
6425 6430 6435

gaa gcc ttt ccg gta gag tat att atg cgt tta atg gcg aat tgg 81091
Glu Ala Phe Pro Val Glu Tyr Ile Met Arg Leu Met Ala Asn Trp
6440 6445 6450

gcg caa gta gat tgt gac cct tac ata aaa att caa aat acg ggg 81136
Ala Gln Val Asp Cys Asp Pro Tyr Ile Lys Ile Gln Asn Thr Gly
6455 6460 6465

gtg tct gtg cta ttt caa ggt ttt ttt ttt cgt ccg act aac gca 81181
Val Ser Val Leu Phe Gln Gly Phe Phe Phe Arg Pro Thr Asn Ala
6470 6475 6480

cca gtg gct gaa gtg tcc att gac agt aat aac gtg att ctt agt 81226
Pro Val Ala Glu Val Ser Ile Asp Ser Asn Asn Val Ile Leu Ser
6485 6490 6495

tca acg tta agt acc ggt atc aac cta tct gct ttg gaa tca att 81271
Ser Thr Leu Ser Thr Gly Ile Asn Leu Ser Ala Leu Glu Ser Ile
6500 6505 6510

aaa cga ggt ggg ggt att gac cgc cga cct ctc cag gct tta atg 81316
Lys Arg Gly Gly Gly Ile Asp Arg Arg Pro Leu Gln Ala Leu Met
6515 6520 6525

tgg gtg aac tgc ttt gtg cga atg cca tat gtt cag tta tcc ttt 81361
Trp Val Asn Cys Phe Val Arg Met Pro Tyr Val Gln Leu Ser Phe
6530 6535 6540

cgt ttt atg gga ccg gaa gat cca tct cgc acc att aaa ctt atg	81406
Arg Phe Met Gly Pro Glu Asp Pro Ser Arg Thr Ile Lys Leu Met	
6545 6550 6555	
gcc cgc gcc acg gat gca tac atg tat aag gaa act ggc aat aat	81451
Ala Arg Ala Thr Asp Ala Tyr Met Tyr Lys Glu Thr Gly Asn Asn	
6560 6565 6570	
ttg gat gaa tat ata cgc tgg cgg cct tca ttc aga tcc cca ccc	81496
Leu Asp Glu Tyr Ile Arg Trp Arg Pro Ser Phe Arg Ser Pro Pro	
6575 6580 6585	
gag aac gga agt cca aac acg tct gtt caa atg caa agt gac att	81541
Glu Asn Gly Ser Pro Asn Thr Ser Val Gln Met Gln Ser Asp Ile	
6590 6595 6600	
aaa cct gcg tta ccc gat acc caa act acg cgt gtc tgg aaa ctt	81586
Lys Pro Ala Leu Pro Asp Thr Gln Thr Thr Arg Val Trp Lys Leu	
6605 6610 6615	
gct cta ccc gta gct aac gtg aca tat gcc ctg ttc att gta att	81631
Ala Leu Pro Val Ala Asn Val Thr Tyr Ala Leu Phe Ile Val Ile	
6620 6625 6630	
gta ctg gta gtt gta tta ggg gcg gtg ctt ttc tgg aaa taa	81673
Val Leu Val Val Val Leu Gly Ala Val Leu Phe Trp Lys	
6635 6640 6645	
attgccitttc cgtacatatc ctgcgcagat gtacgtgtat gctgttatcg attgtcccgt	81733
aaactaataa acg atg aca caa ccc gca tcg tct cgt gta gtc ttt gat	81782
Met Thr Gln Pro Ala Ser Ser Arg Val Val Phe Asp	
6650 6655	
ccc agc aac ccc acc aca ttt tcg gtg gaa gca att gcg gct tac	81827
Pro Ser Asn Pro Thr Thr Phe Ser Val Glu Ala Ile Ala Ala Tyr	
6660 6665 6670	
acc ccc gtt gct tta ata cga ctt tta aac gcc agt gga cct ttg	81872
Thr Pro Val Ala Leu Ile Arg Leu Leu Asn Ala Ser Gly Pro Leu	
6675 6680 6685	
caa cct ggt cac cgt gtg gac atc gct gat gcc aga agc att tac	81917
Gln Pro Gly His Arg Val Asp Ile Ala Asp Ala Arg Ser Ile Tyr	
6690 6695 6700	
acc gtg gga gcc gcg gcc agt gcc gcg cgt gca cgc gct aac cat	81962
Thr Val Gly Ala Ala Ala Ser Ala Ala Arg Ala Arg Ala Asn His	
6705 6710 6715	

aat gca	aat acg	ata cgc	cga acg	gcc atg	ttt gcc	gag act	gac	82007
Asn Ala	Asn Thr	Ile Arg	Arg Arg	Thr Ala	Met Phe	Ala Glu	Thr Asp	
6720			6725			6730		
cct atg	aca tgg	tta aga	cca acg	gtt ggc	tta aaa	cgt acg	ttt	82052
Pro Met	Thr Trp	Leu Arg	Pro Thr	Val Gly	Leu Lys	Arg Thr	Phe	
6735			6740			6745		
aac ccg	cgt att	ata cga	cca caa	ccc cca	aat cca	tcc atg	agt	82097
Asn Pro	Arg Ile	Ile Arg	Pro Gln	Pro Pro	Asn Pro	Ser Met	Ser	
6750			6755			6760		
ttg gga	atc tcg	ggg cct	act ata	ttg ccg	caa aaa	aca cag	agc	82142
Leu Gly	Ile Ser	Gly Pro	Thr Ile	Leu Pro	Gln Lys	Thr Gln	Ser	
6765			6770			6775		
gcc gat	cag tct	gct tta	caa cag	ccc gcc	gcg ttg	gcg ttt	tcg	82187
Ala Asp	Gln Ser	Ala Leu	Gln Gln	Pro Ala	Ala Leu	Ala Phe	Ser	
6780			6785			6790		
gga tca	tcc ccg	caa cac	ccc cca	cct caa	acg acg	tcg gca	tcc	82232
Gly Ser	Ser Pro	Gln His	Pro Pro	Pro Gln	Thr Thr	Ser Ala	Ser	
6795			6800			6805		
gtt gga	caa cag	caa cac	gtg gtg	tcg ggg	tct tct	gga caa	caa	82277
Val Gly	Gln Gln	Gln His	Val Val	Ser Gly	Ser Ser	Gly Gln	Gln	
6810			6815			6820		
ccg caa	cag gga	gca cag	tca agc	act gtc	cag cca	aca acc	gga	82322
Pro Gln	Gln Gly	Ala Gln	Ser Ser	Thr Val	Gln Pro	Thr Thr	Gly	
6825			6830			6835		
tca ccg	ccc gcg	gcc caa	ggc gtg	cca cag	tct acc	ccg ccc	cca	82367
Ser Pro	Pro Ala	Ala Gln	Gly Val	Pro Gln	Ser Thr	Pro Pro	Pro	
6840			6845			6850		
acc caa	aat acc	ccc cag	ggg ggt	aag gga	cag acc	ttg tca	cac	82412
Thr Gln	Asn Thr	Pro Gln	Gly Gly	Lys Gly	Gln Thr	Leu Ser	His	
6855			6860			6865		
acg gga	caa tct	gga aac	gct tca	aga agt	cgt agg	gtg taa		82454
Thr Gly	Gln Ser	Gly Asn	Ala Ser	Arg Ser	Arg Arg	Val		
6870			6875			6880		

ataaaaatac acagaaaata atcgttgttt tttttttttc ttttaataggc gctactttat 82514

atatatgttc catctaataa caatttaaca taccacaggc cttgaaatat atcttccgtg 82574

tgggtccatta aaagtttacg tgtatatcta acgttgtcga tcatacgccg acatgcctgg 82634

cttaacagtg ccagtgtccc caaggcggtc cctcggacat aacgtcgacc ggtgactaca 82694
tcggcattaa caacgcgtac gtgcctagga acgcgacatg accgatgttc gtcgagactt 82754
agtacgatag aattttcact ctcaactgta tagccgtcag aaggttcact aaaatcactt 82814
tgatataggt ctctgttcgg tgagttaaac ggggttagaag atacgcccc a tgtgtgtacg 82874
tcccgcggaa agtttggcga cggctgtcct gttttatagt ttgtcaatag gtccgtttgg 82934
ggggcatcgg ctgccgtgtc aaccaagaa ggtaattggg tatttacagg gtggaatact 82994
gttttggagt tatacattcg agggtcattt tgatgccgtt tttgtgtttg atttgatttt 83054
tcaatccaag tccggtaga tatcgagtca tctgtcggaa tggaggtaat ctcaagtatt 83114
ggtttactga acgcttgggt taacgtttgg ttttgctgtg gattatTTTT ccaatccgac 83174
aattggttat ttgggtgggt aatactttta caaacgggtt ttttaatgga ggtgggtaat 83234
tgcttaggta taagcacagc cgtttctgat tcggtttcca catacaaggg aatatctttt 83294
tggctaaggg ttgtttttac gctttggggg ttcttaaaat tttgtaccac tatttgtgtg 83354
cccgtttcta tgggctgcgc gggctggacg gtctgcgcgg gctgcgcggg ctgcgcgggc 83414
tgcgcggggt gcgcggggccg gacgggcatt tttttacatt tggaacttct aacaacttga 83474
acgggagact taaatagtgg ctccgttggg taaaaatcag ttgtgtcgag gtttgggggg 83534
ccttggggcg cataaccggc aataatttgc gagtaaaatg gatcatcggg acacgagggg 83594
aaagagtcct catcggagtc gatgtacggc aaatcaataa gagattctgg ccccaaaaag 83654
accacataat ccggagctgg aatcgagtct tttcgttccc ataaaacata agagggattc 83714
atatgttcgt ccaatagcag taaacacggg ggattgtttg taagaggttt gtttgcaatg 83774
agcgcgga ca gtttttctag ttggacaatt aaacatgcat tttcaattgg gtgaggatcc 83834
atatgcagta aacgtaacc ccaagaaaca atatcgggag atacggctga ggatataccc 83894
gaatctgtag ccatatgccg ggaatcgaat aattttaacc ccaaagtaag tccggaattt 83954
tgtgaaaaaa cggatgtaag ttccatggca ataaccaaaag gagccccaaa taaaatagcc 84014
gtagttgcta tgtcaaacgc tgttacatta gaaacgtgag ttggtgccgc ccccgttact 84074
gtaaaaactg tcgttgcccc ggtttgaata taagcatctg taattacttt acggtctgta 84134

ttccactcta acgtggtatt gctgggagcg gtatcaaadc ttgcattaag cgtggatgac 84194
aatccagtc tcgcatcaac tataatgtcc acatcatcct gtgttctgta tgcgaattcc 84254
tccggttgca gcgtattcca cattgacact aaggaaattg gcgggagaca catgcgcccc 84314
agtacagtaa tggtcgcaag acgatctgtt gccattatac gggtaactgc atcgacattg 84374
gcctttaccc cggggggggg ggaaagtgc catggcgcaa aaggatccgt tatcttctgt 84434
ggcattttta caagtttcca atctgccatc cgaaatgcaa atattctccc gccggtagga 84494
tcttggtttg atccaagagc taacgggagt ttatgtttgg atggggcggc attaaaaaag 84554
gcccgggcat tgcctttcgg gtctccatcc aatgagcgaa cgagtaaacg acctctaaat 84614
gcggcctcga ttacgggtct gagggtagcg gccatatact catgctgttt aattaaatcc 84674
aatctagcaa aattgagaag atgtaccggg gttgtggcaa ccaaaatagt tacaatatca 84734
gatagggtta actctaatac gcgtacatca ccccttctct ggattggttt agttagtcca 84794
ttgcccatta cagaagttag gtggtgtttt tcaaaagaat aaataagctt gtcccaatga 84854
accccgtatt gtcgtgtcaa tgttgttgtt ataaggccgg cgtatatctc tgcaatggct 84914
ctgcgtgcgt tggttttacc ccattcggcg tggcgatgcc taacaaaggt ggaaaaggca 84974
gaaaacccgg attttatagc ggattcgtat tcaatgcgta gtcattgac ctcatggcc 85034
acgcgtaatg ccgatagtgt agtttcttcc acaatacctt catcggaag tggcggtcgt 85094
aaagataatc caccctgact gcatagcatg gttccaagtt taaccccaac tgatttataa 85154
cacactctat atcgaagtgg aaccccatca gtatccaagt aaaaggttta attttttcca 85214
aaciaagcgt ctatagaaga tctggcttcc ctaaagcttt gcaccacaga cgcctcccc 85274
ataaacgcgg ccacccgcgc gcgaatgcat cgggattggt cttctagaca tacacccgac 85334
atggcgggaa taggagcaaa tactccgttt ggagacgcgg gtggaaaaat ctgagcataa 85394
cttgcataca agcctaaccg taccatgagt aaatttcgaa atgtcatata ctgtgttttt 85454
atccatatag gcaaagtgtt aaattgatcg aaatcacgta ataacatacg aagaacgtca 85514
tggtcactct ccgttggaat acgttcaatt aaagctcgta agcgagacgc ggtctcttca 85574
aactgtcttt gtttttgcaa cacaacatcc aacgccgttt tacgttcctg ttgctttttt 85634

tggagacggt ttttcgtttc cacaggcaat aaaaaaatt cgggttcgga acaaagcatg 85694
tcaaccacag acgccgatgc ctggagtgcc tttatactat ctacggaagt agcgtacgtg 85754
tcccccgatg ccaacatata ccccgtttct cttttaaatg ttgtccatgc atcgtcccac 85814
gtaacctcac cggtttctat tcgtcgtcgt aggagatcta atttagttcg taacgcataa 85874
agtttatcca ccctatcttt ataagtatgc agggggccgg taccgtctat acgcacactt 85934
agtggatggg agtcaataat attgcgagct tggtagatcc agtcaaccgc ctgaatgtcc 85994
aacgtaccag tttcttcttc cagacgccct aacagcaatg caaactgcgt gacaatgtcc 86054
tgaacggaag tagatctatc aatggccaat gcaattgttt tgggaggggg ggtagtttt 86114
aataacgtct tcaggtagt gaaatccacg tcttcttggt gtcagtggc attggccgta 86174
tcaacaatgt tttgtaaaat ttgtattgca cggttctttg ttgcctgaca caccatacga 86234
aactgtgcaa gctctgcgtt ggcctccttt agatcgcggt ctaccattgt ttgtaaaact 86294
ctttcatatg ccgttcctat aaatcgttta tgatcgaaag ttgtaaaata ctctatagcc 86354
cgaatcaata aaccttcgct tggtaatgta atgaagacac cttctttaag tgcaagttta 86414
gccgtttcgt gtgcccgaac atgagttact tcctccaaag cttatttgc ttctgtaagt 86474
ttagccccgg cagcctgtct gatgtctgct ctaagttcac ttaacgttac actttcgggt 86534
ataaactgat cataagaccg tgtgtaaaaa tcaacatacc cagccaatgc gggtatttgt 86594
aatagatccc ccgaggttcg taatatcata tctcggtagt taggtattcc attaatagac 86654
gtatcggcgg ataataacac aaccgcgcga atacgcataa gcagaaggag tccctcaata 86714
ctaacacctg gaaacataac ggtgaatacg ggagccgtaa tcgaaaaatc atcaaaccat 86774
gttaaccctc ttaacaaagc caaagggtgt ggaatatgtt tattttcggg ggtatatgga 86834
ttgtggcgaa acacagtatc taatgccgta acggctgtag ttccacatgc cgctacaacc 86894
tgacgtgctt gtgggtaaac tgcgtgtata tcaaaccctc ccgcagcggc catatctcgc 86954
aaccgtgcca gttctgtccc gttaaataata tggcgcgttt ccattgcctc cagacatgct 87014
ataatatcac gtgtccaacg ctcatacaaa acccgagtcg ttgtgtgttt atgtgcacgt 87074
tcacaatcgg taattaacac ttttgctgt tccttcttct catgtgccat tgtgacgagt 87134

ttatgaagat cctttactac tcgagataag gtagatgtcc cagcaataca atgggggggt 87194
agcttttgca gttcaacttc aacaagtta accgtatcca ttagggcgtg cacatttggt 87254
tgtattgata atatcgcatc gtttatttca taatcatcta catttgaaga tgatataaac 87314
ttcaagtgtc cagatgagac agctagggtg gagaagtcac ctccaagttg tttttgtaat 87374
tcagtcaact tatgggtatt cgtaatttct tgttgtaaag cctgatattt tttatataac 87434
gacaacacaa aggataaggc tggcactgta gatgaaacta acgtcgcttt actaagagtt 87494
gcaacaacag cgtttatggc ggactcactt tccgggttag tagatacggc cgcgatgtcg 87554
gatgcaagca catctgccac gtcacaaaaa aacgcaagca atgatggtct atactccgta 87614
ggatatcggc caatttcgat aatagctgta aaacaagctc ccagtcctcc taagacagat 87674
gtgcgtgcgt ttccgggatg ttctaaaatg tctcgatatt ggtaaataa cgcccagaaa 87734
tcacccgtaa gttgagaacg gatctctacc ggcgctcta agactttggt cctgagattt 87794
accagggtc cttggacatc taactcagaa gcaagttccg gtaataaatc tactgcagcc 87854
ctaagtcca caaaaccggt taccgggcga agtaaccccc cgagtttatt atatgccgcc 87914
tgttttcgac tctttattgt gtcctgtgtg gttcgggcct cgtttgcata cgtctgaacc 87974
tctttaagcc ttgtttccaa tcgtctttta atcgaagggt gtaaaccgga ttggatcatt 88034
ggatcaccta aaatttttat ctgtcgcacc aaatcgtctg tagcacgtac aattgttgct 88094
aataaatcat cccgtgttat ttcaggatac ttgacctac cattgttata tgtttcatag 88154
tcctttacgg cttggtctac ggccgcgctt agcgtattaa agcaagacaa ctctgcttcc 88214
gcggaagccc gttgcgttgc gcgtgtatta atggttttta ttgtacgtga taattcatcg 88274
aactctcgtc tggataagta acctgcgggt tgagcttccc cgactacaga taaccacgat 88334
acgagagccg tgtctgtgtt taaatcttcc ccttctttaa taagctcttt taacagagat 88394
acgacgggga gattttgtat agtctcagga ggagggtgta tagacaggga cgatatgatt 88454
gccgttaatt tagcgtcgaa ttccggaaga gaatctaaaa gccgttgaat gggtgccgta 88514
cttgcggtcg cgacccgaaa acgcctaggg gattgttcag cgatcaaggc ccgtgtgcta 88574
tataaacactc cgcggttgaa gtattctgta acagccgagg tcaatagcat tgtaacttcg 88634

gatcgtatct catatacacg ccgaattaac tcttcgggtg gaatgtcggg tttttccggg 88694
ggttcctggg gaacttctgg tatttgaatg gcatcaattt tattgcgggt agaccgtaat 88754
gcatttctta aagcctttac actagaaaca agcgcgggtg gttcacgcat atagcgtgtc 88814
tcccgggccc agactaattc acaaagaaga cgtattcgtt cagacaggga ccctgtacgg 88874
gttggataaa gctcggcaaa aagtccggga tgagaaataa taggcgaatt tagtatactt 88934
ataagacctg tcgacagtct agaatagagg tctatgggcg acgaacctcc tagatccgct 88994
tctaacacat ctagttcggc atgtaaagcg ccggttgtat cctgaacccg catggcaact 89054
agaccaaact tagcgataat gagcatgcca attgtacatt ttttccggag aacagtttta 89114
atagcatatt ccgccccgg catgtttgtt aatatcaaac ttgtaacgcg tataagtcc 89174
gcggcggagg gaaatcctgt taaaatttcc ccaaggggac ctataaagtc tgatacaacg 89234
cttgtagcac catgatgtgt acgtgttcca ttttccacca caaatcccgt taaacgcaaa 89294
atggtgaggt taataaaaag ctccaatgga tccttttcgt ctggcataac caagggcctt 89354
gttacccaaa tgggaacatt tgtatgaccg gtaataacag tatccaacgt acccaccgca 89414
ttttgtacgt atccattgct aatttcattgc ccatgttgta gtagtttttc gacaaccatg 89474
ttgacatcac cactctgttc aaatagaaat ggcttccgat ctttcaaact gcttcttaca 89534
ttcatgttcc gtgaaaaagt gggactggat tcaggcgtat ctacattgga tacatttaac 89594
acaacgtctg ggggtgttagc aacttctcgt aggcggggta atacatgtgc cacttgtgtt 89654
ttatccggca cgtctacagt tggtttaaatt ttgagaacct ttttagcggg tttatgtaaa 89714
ttatccgtgg aatgtgtatt atttaccag ccatcgtcga tacaagctaa attttcctcg 89774
cttgaaggag gagtccatga aggacggcgt ctacgacgac aatccaaaac gccagacca 89834
gtcgaggttg tttctagaac cgcattgcaa ggatcaacct cgctgtaact acatctaggg 89894
tccagtgcaa ccgtgttggt taacgttgaa tgtaggggtg cttccaagga tacactttca 89954
ccaacgtttt ggtgaagagg tactatagac gatttattaa gcacaattgt cgtggaatta 90014
ggaggtgaaa gaagcaacgg atgttgagct gtaaccagtt tttcgcaata ttgttcatct 90074
gtaaaaatg tatcacagct tccgtatata agcgttactg ccgaagatag cgcttcttcg 90134

cttacgggac cgtcgtttgc ggtgacaaaa aaaactaatg cagcggccca ttgggattct 90194
acgttatcgg ggcggtgggt atactccgat gcgatataag agtacacatc cgtgggtattc 90254
acccgaacaa ctacagcctg tcctatagtc ccatggccat gtggatcaaa aataaaagat 90314
atgtttccct gacgatagat ggccattccc gttgagtcta cagttataat tgtatacgac 90374
tcttcacgtc ccatccacac atcatcgaag aacgctctag cgggaatttg tgtgcacata 90434
aaaccctcgt ctggaacggt aaaaaaatgg ctatcgccgt atattctaga caaaacgcag 90494
cacgtactgg tagtgtcccc cagtttaata tatgaaattc gattggggag atcaacaaga 90554
gcacacatat ctgggacacc cctccccata ttagacagat ccgtagtcca tgctgcaccc 90614
tcttgtaaag atccatcaat catgtctgat gacagggttg cattaattcc atgcgcatat 90674
gtcatatgca aaaacgataa agatgttctt aaacatgaca gacctgacgc cgggtcccagg 90734
gcaccgtcaa attgattacg gtttcccact cccgcaacag tgacagctat aggcggaatt 90794
atatccattt tattgcttac gaaaattacg cgctcaactg gtagggacgc tacgtttacg 90854
atgattcaaa tcccaaagag cgttgaataa gcacgtgtag ctccaaaaac ctaggagggtt 90914
atgaaaatac tagcaacaac agcgttatac aaacgaaacg ccaggtcaat aaaaaccaca 90974
aatactttta tgtacataaa cacgcctgtt ttatattaag ggtcactccc acttgtattc 91034
ccgggtacgc caagacgcaa atctacatta gataaaatct catctggacg aagccatctt 91094
tgtcctatta tcagcgtcgg agcctctgaa attacgtctc tgaccgttgt cgttatttta 91154
acattatcat gtaaaaacgt tgcatttaca ttctcccatg ttcttatatt acattgtgaa 91214
gttaaaaccg cgcccatctg aggtccagaa tccacaataa actgttgccct ggagtccata 91274
acgaatgaaa ctgctgcctt gtgatcttcc agatttcggg cgtgactcat atatgagggtt 91334
ggggcattta cacgatcctc ttgtatattt tttaaaccgc gcctcaattc attacacacg 91394
gttgcaatag attcggccga cgggactgcc gtggcatgcc tacaagctgt tgctattcgt 91454
tcccacctat ttaaaaaaat ctctacattt gcaagaccgg gtatatattc tcctgttggt 91514
agtttgtcaa cacgcattaa aatgtccatt tgatcctgtg taaaccgtgc ataccgggaa 91574
gccatcgttg aaaaaagagg cccaatagca gaagtggagg ttttagtcat taaattttca 91634

cattccctaa gggctgagga agcatcggcc ataattgtgc gcaggctgga tattcccact 91694
ctcatttgcg ttcggattcc ttgtattgtc ccaacaatat gaccaaccgc atcagcaaga 91754
tcgttttaaac gccatacccc aaattgttca tcgcgttcaa cttttgggtt acagatacca 91814
acagcctgaa gatctggcgt tggataaaaa cgacacgcaa aaaatttttg taacattaac 91874
atgtaccgag aaaccactaa cgcgttggat gtaaaatttt caaccaacgc ctgcgatgtt 91934
ttatccagtc gggccaacg accgtaaagt tcatcataat agagagttgc taaaaaacg 91994
ctatttgtaa tagaaggacg gtcaggaacc aaaggacgga cgtgctgggg aagcaggtca 92054
acggcaatgc caacagtccg atgaagttcg catataaggg aatctatagt agaaacgtga 92114
gatggtaaaa gtactggggg gtgtgtacgg gtaaaagggt ctaatattgt tataagagca 92174
gatagtittg tgcgatatcc atctgcattg ggcacgggtc cggatccata atcgcgagcc 92234
cactgaagaa tagacaaggc ttgctgtatt ccccggtat caaaagaca agctattgtt 92294
gccgaaaggg catcaagcgt gcttgttgca ataataaag gcacaaacga cggttccaca 92354
aacacgctag agcgattata ttcggtagga tatgcaatct ttagtgcttc tgttatcatg 92414
acagcttcca accctgtagc cgggtggatca acacaaatag gaggtgtcat acccacatcc 92474
accggggggag taatacccca tcttgaatcc atacgtaggt caaaccaggt tagtacggct 92534
tcgcgtacgg cactttgtcc tgcttgtggt aataacgcac ctgaggattg attatgtgtt 92594
tgcttaaaat atgttgtctc tctagcttct gcatgtgaaa tttcattaag tagtattacg 92654
cgtgtcgctt gtatactttc aataaggggt cgtggagcaa aacagcgccg cataatttgt 92714
cccaggcctc ccggtggtaa tcctaaggcg ggtaatagcg tttcataccg tttttcggtc 92774
tcgtttactg tccgtgtata tgtaaacaca tactcggtag taggagcgta cgtttccact 92834
aattggatat ccagtccacc cactaaagcg agacatccta gtgtttgttg gaaatctgta 92894
atatgctcgt ctgctacaac gcttccgtga ataaaaccgg cgagtgtgtg gtgagcaata 92954
aaccgacgta gcaatttgca tgaaaatctt gtaaaccggg attcggcaag ggtgcttatt 93014
aacatactag gcgatgtact agcctgaacc ttttcccaa tgccacgggt gtgttctgct 93074
acattacttc cagatgtggt ttccgcttcc gggtcggagt ttagtaaag taacagcgcc 93134

tcaatatgaa ttccgggggt ggacaacgat aagaggttgc tttcccatat accattgtct 93194
aatctaagtc tcctagcaag cattccccggg gatgtctcaa aaacataagg gtctcgataa 93254
gccagagctg aggaaattcg tgactcgtgc accgttcgtg gattcgttac cgcttcttcg 93314
atggatacga acgcctcatc ttttaattaaa tttacagtat ctgcaaataa ttctgatatg 93374
ctatgtactg gcgtttccgt gagatattca tcaatcatac agattataaa aagggtctcg 93434
gtttagaggag tgagtgaagt attttgaatc tgattccaca taacattaaa cggaagaagc 93494
catcctgcat attgtgttaa aacacgaatc ccctcttgaa caaatggcat atcgtaaagt 93554
atcgcaaatt tatgttgtgt taaagctgca atggcgcttt ccaacattcc aatacgagcg 93614
tgagtgaatg gtgattcaat ggctgttgtt gcaccttta aggcgacctc gtacatattt 93674
atccagtccg ttataatgaa gtgtatcgaa acgggtccaa atttagacga gggtcgtaat 93734
ttattggccg ataaacgatg taacgtctcg gaatcttgta ctacacttga tagctgggtt 93794
aaaattttta agctattacc tggctcctct atcgctccagt ctagatctag tctccaaaac 93854
aacagtccgg gtaaattttc ggccgtgaaa gcagcctccg caaaaaatgt attggaatat 93914
acaaaacaga tattagaatg caggggttcc catatctgaa taaaatgttt agctggaatt 93974
ttctgggtag atcgtaaaaa cttaactacc ttaactctgg cgatttctgt tttctctggt 94034
gaccatggtc tttcgttgtc cgcttcttgt actttcaagt tacttaaate atccaaaagt 94094
ttttgtgtat cataacaaat tggttcttcc atggtatatt ctacgctgac ttaactttat 94154
aacgtgatat gaaaaagcta catccgtccg gaatgaaaag acataaatgt aacatcaata 94214
aaaacgcatg ttaataaaaa ggacgtcacg gtaagttgaa gaacctttta acgccaatca 94274
aaatatTTTT ataggctcct cctacctaac attatataaa cgggtactacg actgtataat 94334
gtgtacacat accccaggca acatttcaga tagtaccacg tcacgattgc attgtgtgaa 94394
tttaaccctt cagct atg ggg agt caa cca acc aac tcg cat ttt act 94442
Met Gly Ser Gln Pro Thr Asn Ser His Phe Thr
6885 6890
tta aac gaa caa acg cta tgt gga act aat atc agt ctt tta gga 94487
Leu Asn Glu Gln Thr Leu Cys Gly Thr Asn Ile Ser Leu Leu Gly
6895 6900 6905

aat aac cgt	ttt att caa ata ggg	aac ggg ctt cat atg	act tat	94532
Asn Asn Arg	Phe Ile Gln Ile Gly	Asn Gly Leu His Met	Thr Tyr	
6910	6915	6920		
gct ccg ggc	ttc ttc gga aat tgg	agt cgc gat tta aca	att ggc	94577
Ala Pro Gly	Phe Phe Gly Asn Trp	Ser Arg Asp Leu Thr	Ile Gly	
6925	6930	6935		
cct cgc ttt	gga ggt ctg aac aaa	caa ccg ata cat gta	cca cca	94622
Pro Arg Phe	Gly Gly Leu Asn Lys	Gln Pro Ile His Val	Pro Pro	
6940	6945	6950		
aaa cgt aca	gaa acc gcg tct att	caa gta acc ccc cgt	tca att	94667
Lys Arg Thr	Glu Thr Ala Ser Ile	Gln Val Thr Pro Arg	Ser Ile	
6955	6960	6965		
gtt att aat	cgt atg aac aac att	caa ata aat cca act	tca att	94712
Val Ile Asn	Arg Met Asn Asn Ile	Gln Ile Asn Pro Thr	Ser Ile	
6970	6975	6980		
ggt aac ccg	caa gtt acc att aga	ctc ccg tta aat aat	ttt aaa	94757
Gly Asn Pro	Gln Val Thr Ile Arg	Leu Pro Leu Asn Asn	Phe Lys	
6985	6990	6995		
tca acg aca	cag cta atc caa caa	gtg tca tta acc gat	ttt ttt	94802
Ser Thr Thr	Gln Leu Ile Gln Gln	Val Ser Leu Thr Asp	Phe Phe	
7000	7005	7010		
cgt ccg gac	att gag cat gct ggg	tca atc gtc tta atc	ctt cgt	94847
Arg Pro Asp	Ile Glu His Ala Gly	Ser Ile Val Leu Ile	Leu Arg	
7015	7020	7025		
cat cca tct	gac atg att gga gaa	gct aat aca ctt aca	cag gct	94892
His Pro Ser	Asp Met Ile Gly Glu	Ala Asn Thr Leu Thr	Gln Ala	
7030	7035	7040		
gga cgt gac	ccc gat gta cta cta	gag ggt tta cga aac	cta ttc	94937
Gly Arg Asp	Pro Asp Val Leu Leu	Glu Gly Leu Arg Asn	Leu Phe	
7045	7050	7055		
aat gcc tgc	acg gct cct tgg acc	gtt gga gaa ggt ggg	ggg ctt	94982
Asn Ala Cys	Thr Ala Pro Trp Thr	Val Gly Glu Gly Gly	Gly Leu	
7060	7065	7070		
aga gca tat	gta acg tca tta agt	ttc atc gcc gca tgc	cgg gca	95027
Arg Ala Tyr	Val Thr Ser Leu Ser	Phe Ile Ala Ala Cys	Arg Ala	
7075	7080	7085		
gaa gaa tat	acg gat aaa cag gca	gcg gat gcc aac aga	aca gca	95072

Glu	Glu	Tyr	Thr	Asp	Lys	Gln	Ala	Ala	Asp	Ala	Asn	Arg	Thr	Ala	
		7090					7095					7100			
att	gtt	tct	gcc	tat	gga	tgc	agt	cgt	atg	gaa	acg	cgg	ctc	ata	95117
Ile	Val	Ser	Ala	Tyr	Gly	Cys	Ser	Arg	Met	Glu	Thr	Arg	Leu	Ile	
		7105					7110					7115			
agg	ttt	tcg	gag	tgt	tta	cgt	gcg	atg	gta	caa	tgt	cat	gta	ttt	95162
Arg	Phe	Ser	Glu	Cys	Leu	Arg	Ala	Met	Val	Gln	Cys	His	Val	Phe	
		7120					7125					7130			
cca	cat	cga	ttt	ata	agt	ttt	ttt	ggg	tcc	ctg	ctg	gaa	tat	acc	95207
Pro	His	Arg	Phe	Ile	Ser	Phe	Phe	Gly	Ser	Leu	Leu	Glu	Tyr	Thr	
		7135					7140					7145			
att	cag	gat	aat	tta	tgc	aat	ata	acc	gcc	gtg	gcc	aaa	ggt	ccc	95252
Ile	Gln	Asp	Asn	Leu	Cys	Asn	Ile	Thr	Ala	Val	Ala	Lys	Gly	Pro	
		7150					7155					7160			
caa	gaa	gct	gca	cgt	aca	gac	aaa	act	tca	act	cgc	agg	gtc	aca	95297
Gln	Glu	Ala	Ala	Arg	Thr	Asp	Lys	Thr	Ser	Thr	Arg	Arg	Val	Thr	
		7165					7170					7175			
gcc	aac	atc	ccg	gcc	tgc	gta	ttt	tgg	gac	gtt	gac	aaa	gat	tta	95342
Ala	Asn	Ile	Pro	Ala	Cys	Val	Phe	Trp	Asp	Val	Asp	Lys	Asp	Leu	
		7180					7185					7190			
cat	ctt	tcc	gcg	gac	gga	ctg	aag	cat	gtg	ttc	ttg	gtt	ttt	gta	95387
His	Leu	Ser	Ala	Asp	Gly	Leu	Lys	His	Val	Phe	Leu	Val	Phe	Val	
		7195					7200					7205			
tat	aca	cag	cga	cgc	caa	cga	gaa	ggt	gta	aga	ctg	cat	ctt	gca	95432
Tyr	Thr	Gln	Arg	Arg	Gln	Arg	Glu	Gly	Val	Arg	Leu	His	Leu	Ala	
		7210					7215					7220			
tta	agc	caa	cta	aac	gaa	caa	tgt	ttt	ggt	cgt	ggt	att	ggc	ttc	95477
Leu	Ser	Gln	Leu	Asn	Glu	Gln	Cys	Phe	Gly	Arg	Gly	Ile	Gly	Phe	
		7225					7230					7235			
ctg	tta	gga	cgc	ata	cga	gct	gaa	aat	gcc	gcc	tgg	ggg	act	gaa	95522
Leu	Leu	Gly	Arg	Ile	Arg	Ala	Glu	Asn	Ala	Ala	Trp	Gly	Thr	Glu	
		7240					7245					7250			
ggg	gtt	gca	aat	acc	cac	cag	cca	tat	aac	aca	agg	gcg	ttg	ccg	95567
Gly	Val	Ala	Asn	Thr	His	Gln	Pro	Tyr	Asn	Thr	Arg	Ala	Leu	Pro	
		7255					7260					7265			
ctt	gtg	cag	tta	tcc	aat	gac	ccg	aca	agc	cct	cga	tgt	agt	att	95612
Leu	Val	Gln	Leu	Ser	Asn	Asp	Pro	Thr	Ser	Pro	Arg	Cys	Ser	Ile	
		7270					7275					7280			

ggc gaa att	aca gga gta aat tgg	aac ttg gct aga cag	cga ttg	95657
Gly Glu Ile	Thr Gly Val Asn Trp	Asn Leu Ala Arg Gln	Arg Leu	
7285	7290	7295		
tat caa tgg	acc ggc gat ttt cgg	gga ctt ccc aca caa	tta tcc	95702
Tyr Gln Trp	Thr Gly Asp Phe Arg	Gly Leu Pro Thr Gln	Leu Ser	
7300	7305	7310		
tgc atg tat	gcg gca tat acg tta	att gga aca att cca	tca gag	95747
Cys Met Tyr	Ala Ala Tyr Thr Leu	Ile Gly Thr Ile Pro	Ser Glu	
7315	7320	7325		
tct gtg cgt	tat aca aga cgc atg	gaa cgg ttc gga ggt	tat aac	95792
Ser Val Arg	Tyr Thr Arg Arg Met	Glu Arg Phe Gly Gly	Tyr Asn	
7330	7335	7340		
gtg cca act	att tgg tta gag ggg	gtt gtg tgg ggg ggt	aca aat	95837
Val Pro Thr	Ile Trp Leu Glu Gly	Val Val Trp Gly Gly	Thr Asn	
7345	7350	7355		
aca tgg aac	gaa tgt tat tat taa	agcatgtatg taaaataaac	tgaatttaac	95891
Thr Trp Asn	Glu Cys Tyr Tyr			
7360				
atagcgtggg	ttttgcgtga tattatatac	tggggagggg caggctgtac	gtaaccatat	95951
ataagggagt	ctacaatatt gtagaactaa	ctcagctgtg agtttaggg	ttaaaggttt	96011
attccggagc	ctaaatacgt tatccgtt	atg gag ttc aaa aga att	ttt aat	96063
	Met Glu Phe Lys Arg Ile	Phe Asn		
	7365	7370		
acg gtt cat	gac att ata aac cga	tta tgt caa cat ggc	tac aag	96108
Thr Val His	Asp Ile Ile Asn Arg	Leu Cys Gln His Gly	Tyr Lys	
7375	7380	7385		
gaa tac atc	att ccg ccc gaa tca	acc aca ccg gtg gaa	tta atg	96153
Glu Tyr Ile	Ile Pro Pro Glu Ser	Thr Thr Pro Val Glu	Leu Met	
7390	7395	7400		
gag tat att	agc act atc gtc tca	aaa ctt aag gcg gtg	acg cga	96198
Glu Tyr Ile	Ser Thr Ile Val Ser	Lys Leu Lys Ala Val	Thr Arg	
7405	7410	7415		
caa gat gag	cga gtg tac cga tgt	tgt gga gaa ctt atc	cat tgc	96243
Gln Asp Glu	Arg Val Tyr Arg Cys	Cys Gly Glu Leu Ile	His Cys	
7420	7425	7430		
cgt att aac	cta cga tcc gtt tcc	atg gaa acg tgg ttg	act tcc	96288

Arg Ile Asn	Leu Arg Ser Val	Ser Met Glu Thr Trp	Leu Thr Ser	
7435		7440	7445	
cca att ctc	tgt tta act ccc cga	gtc cgc caa gca att	gaa ggg	96333
Pro Ile Leu	Cys Leu Thr Pro Arg	Val Arg Gln Ala Ile	Glu Gly	
7450	7455	7460		
cgg agg gac	gaa att cgt cgg gct	ata tta gaa ccg ttt	ttg aaa	96378
Arg Arg Asp	Glu Ile Arg Arg Ala	Ile Leu Glu Pro Phe	Leu Lys	
7465	7470	7475		
gat caa tac	ccc gct tta gct acc	ctt gga cta cag tct	gct tta	96423
Asp Gln Tyr	Pro Ala Leu Ala Thr	Leu Gly Leu Gln Ser	Ala Leu	
7480	7485	7490		
aag tac gaa	gac ttt tat tta act	aag tta gag gaa ggt	aaa tta	96468
Lys Tyr Glu	Asp Phe Tyr Leu Thr	Lys Leu Glu Glu Gly	Lys Leu	
7495	7500	7505		
gag tcg ctt	tgc caa ttc ttt tta	aga ctg gcg gcc acc	gtg aca	96513
Glu Ser Leu	Cys Gln Phe Phe Leu	Arg Leu Ala Ala Thr	Val Thr	
7510	7515	7520		
aca gaa atc	gta aac ctg cct aaa	atc gca act ctt att	ccc gga	96558
Thr Glu Ile	Val Asn Leu Pro Lys	Ile Ala Thr Leu Ile	Pro Gly	
7525	7530	7535		
ata aat gat	ggg tat aca tgg act	gat gtc tgt cgg gta	ttt ttc	96603
Ile Asn Asp	Gly Tyr Thr Trp Thr	Asp Val Cys Arg Val	Phe Phe	
7540	7545	7550		
aca gcg ttg	gca tgt cag aaa att	gtc ccg gct aca ccg	gtt atg	96648
Thr Ala Leu	Ala Cys Gln Lys Ile	Val Pro Ala Thr Pro	Val Met	
7555	7560	7565		
atg ttt tta	ggg cga gag acc ggg	gca acg gcc agt tgt	tat tta	96693
Met Phe Leu	Gly Arg Glu Thr Gly	Ala Thr Ala Ser Cys	Tyr Leu	
7570	7575	7580		
atg gac ccg	gaa tcc atc act gtt	ggg aga gct gtt cga	gct atc	96738
Met Asp Pro	Glu Ser Ile Thr Val	Gly Arg Ala Val Arg	Ala Ile	
7585	7590	7595		
aca ggc gat	gtg gga acg gta tta	caa agt cga ggt gga	gtg gga	96783
Thr Gly Asp	Val Gly Thr Val Leu	Gln Ser Arg Gly Gly	Val Gly	
7600	7605	7610		
att tct cta	cag agt ctg aat tta	ata cct acg gaa aat	caa acg	96828
Ile Ser Leu	Gln Ser Leu Asn Leu	Ile Pro Thr Glu Asn	Gln Thr	
7615	7620	7625		

aaa ggt ctt	ctt gca gtt tta aaa	ctt tta gat tgc atg	gtt atg	96873
Lys Gly Leu	Leu Ala Val Leu Lys	Leu Leu Asp Cys Met	Val Met	
7630	7635	7640		
gca att aac	agt gat tgt gaa cga	cca act gga gtt tgt	gtt tac	96918
Ala Ile Asn	Ser Asp Cys Glu Arg	Pro Thr Gly Val Cys	Val Tyr	
7645	7650	7655		
ata gaa cca	tgg cac gtc gat cta	caa act gtt ttg gcc	aca cgt	96963
Ile Glu Pro	Trp His Val Asp Leu	Gln Thr Val Leu Ala	Thr Arg	
7660	7665	7670		
gga atg ttg	gtt cgt gat gaa ata	ttt cga tgt gat aac	ata ttt	97008
Gly Met Leu	Val Arg Asp Glu Ile	Phe Arg Cys Asp Asn	Ile Phe	
7675	7680	7685		
tgt tgt tta	tgg acc cca gat tta	ttt ttt gaa aga tac	cta agc	97053
Cys Cys Leu	Trp Thr Pro Asp Leu	Phe Phe Glu Arg Tyr	Leu Ser	
7690	7695	7700		
tat cta aaa	ggg gct agt aat gtt	cag tgg act ctt ttt	gat aac	97098
Tyr Leu Lys	Gly Ala Ser Asn Val	Gln Trp Thr Leu Phe	Asp Asn	
7705	7710	7715		
aga gcc gat	atc ctt cga aca tta	cac ggg gag gca ttc	act tca	97143
Arg Ala Asp	Ile Leu Arg Thr Leu	His Gly Glu Ala Phe	Thr Ser	
7720	7725	7730		
acc tat tta	cgt tta gag aga gaa	gga tta ggc gtt tct	tct gtt	97188
Thr Tyr Leu	Arg Leu Glu Arg Glu	Gly Leu Gly Val Ser	Ser Val	
7735	7740	7745		
ccc att caa	gat atc gca ttc aca	atc ata cgc agt gct	gct gta	97233
Pro Ile Gln	Asp Ile Ala Phe Thr	Ile Ile Arg Ser Ala	Ala Val	
7750	7755	7760		
aca gga agc	ccc ttt tta atg ttc	aaa gat gcc tgt aat	cgt aat	97278
Thr Gly Ser	Pro Phe Leu Met Phe	Lys Asp Ala Cys Asn	Arg Asn	
7765	7770	7775		
tat cat atg	aat acc caa gga aat	gct atc acg ggg tca	aat ttg	97323
Tyr His Met	Asn Thr Gln Gly Asn	Ala Ile Thr Gly Ser	Asn Leu	
7780	7785	7790		
tgt acg gaa	att gtt caa aag gca	gac gct cat caa cat	ggc gta	97368
Cys Thr Glu	Ile Val Gln Lys Ala	Asp Ala His Gln His	Gly Val	
7795	7800	7805		
tgt aat ctt	gcc agc ata aat ctt	aca acg tgc tta tcc	aaa ggc	97413

Cys	Asn	Leu	Ala	Ser	Ile	Asn	Leu	Thr	Thr	Cys	Leu	Ser	Lys	Gly	
		7810					7815					7820			
cca	gtg	tca	ttt	aat	tta	aac	gac	ctt	caa	ttg	aca	gca	aga	acg	97458
Pro	Val	Ser	Phe	Asn	Leu	Asn	Asp	Leu	Gln	Leu	Thr	Ala	Arg	Thr	
		7825					7830					7835			
act	gtt	att	ttt	tta	aac	ggg	gtc	ctg	gcg	gct	ggg	aac	ttt	cca	97503
Thr	Val	Ile	Phe	Leu	Asn	Gly	Val	Leu	Ala	Ala	Gly	Asn	Phe	Pro	
		7840					7845					7850			
tgt	aaa	aaa	tca	tgt	aaa	ggg	gta	aaa	aac	aac	cga	tca	ctt	ggc	97548
Cys	Lys	Lys	Ser	Cys	Lys	Gly	Val	Lys	Asn	Asn	Arg	Ser	Leu	Gly	
		7855					7860					7865			
att	ggc	ata	caa	ggg	tta	cat	aca	act	tgt	ctc	cgc	tta	gga	ttt	97593
Ile	Gly	Ile	Gln	Gly	Leu	His	Thr	Thr	Cys	Leu	Arg	Leu	Gly	Phe	
		7870					7875					7880			
gat	tta	act	tcc	caa	cca	gct	aga	cgg	tta	aat	gta	caa	ata	gcg	97638
Asp	Leu	Thr	Ser	Gln	Pro	Ala	Arg	Arg	Leu	Asn	Val	Gln	Ile	Ala	
		7885					7890					7895			
gag	tta	atg	ttg	tat	gag	aca	atg	aaa	aca	agc	atg	gaa	atg	tgt	97683
Glu	Leu	Met	Leu	Tyr	Glu	Thr	Met	Lys	Thr	Ser	Met	Glu	Met	Cys	
		7900					7905					7910			
aag	att	ggc	ggc	tta	gcc	ccg	ttt	aag	ggg	ttt	acc	gaa	agt	aaa	97728
Lys	Ile	Gly	Gly	Leu	Ala	Pro	Phe	Lys	Gly	Phe	Thr	Glu	Ser	Lys	
		7915					7920					7925			
tat	gct	aag	gga	tgg	tta	cac	caa	gat	ggg	ttt	tct	acg	ata	agt	97773
Tyr	Ala	Lys	Gly	Trp	Leu	His	Gln	Asp	Gly	Phe	Ser	Thr	Ile	Ser	
		7930					7935					7940			
tat	tta	gat	tta	cca	tgg	tgt	acc	ctg	cga	gat	gat	att	tgc	gct	97818
Tyr	Leu	Asp	Leu	Pro	Trp	Cys	Thr	Leu	Arg	Asp	Asp	Ile	Cys	Ala	
		7945					7950					7955			
tat	ggg	tta	tac	aac	tcg	cag	ttc	tta	gcg	tta	atg	ccc	aca	gtt	97863
Tyr	Gly	Leu	Tyr	Asn	Ser	Gln	Phe	Leu	Ala	Leu	Met	Pro	Thr	Val	
		7960					7965					7970			
tca	tct	gca	cag	gta	acg	gag	tgc	agt	gag	ggg	ttc	tct	cca	att	97908
Ser	Ser	Ala	Gln	Val	Thr	Glu	Cys	Ser	Glu	Gly	Phe	Ser	Pro	Ile	
		7975					7980					7985			
tat	aat	aat	atg	ttt	agt	aag	gtc	acc	acc	tcg	ggg	gag	tta	ctt	97953
Tyr	Asn	Asn	Met	Phe	Ser	Lys	Val	Thr	Thr	Ser	Gly	Glu	Leu	Leu	
		7990					7995					8000			

aga ccc aac tta gac ctt atg gac gaa cta aga gat atg tat tca	97998
Arg Pro Asn Leu Asp Leu Met Asp Glu Leu Arg Asp Met Tyr Ser	
8005 8010 8015	
tgt gaa gaa aaa cga ctg gaa gtt ata aac ata ctt gag aaa aac	98043
Cys Glu Glu Lys Arg Leu Glu Val Ile Asn Ile Leu Glu Lys Asn	
8020 8025 8030	
caa tgg tca gta ata cgt tcg ttt ggc tgt tta tct aat agt cac	98088
Gln Trp Ser Val Ile Arg Ser Phe Gly Cys Leu Ser Asn Ser His	
8035 8040 8045	
cca ctc tta aaa tat aaa aca gcg ttt gaa tat gag caa gag gat	98133
Pro Leu Leu Lys Tyr Lys Thr Ala Phe Glu Tyr Glu Gln Glu Asp	
8050 8055 8060	
ctc gtt gat atg tgt gca gaa agg gcg cca ttt att gac caa agt	98178
Leu Val Asp Met Cys Ala Glu Arg Ala Pro Phe Ile Asp Gln Ser	
8065 8070 8075	
caa tca atg act tta ttt att gag gaa cgc cca gac ggg aca att	98223
Gln Ser Met Thr Leu Phe Ile Glu Glu Arg Pro Asp Gly Thr Ile	
8080 8085 8090	
ccc gcc tcc aaa ata atg aat ttg ctt ata cgt gcc tat aaa gcc	98268
Pro Ala Ser Lys Ile Met Asn Leu Leu Ile Arg Ala Tyr Lys Ala	
8095 8100 8105	
ggc ctt aaa acg ggt atg tac tac tgt aaa att cgt aaa gct acg	98313
Gly Leu Lys Thr Gly Met Tyr Tyr Cys Lys Ile Arg Lys Ala Thr	
8110 8115 8120	
aac agc gga ctg ttt gcg gga ggc gaa tta acc tgt acc agt tgt	98358
Asn Ser Gly Leu Phe Ala Gly Gly Glu Leu Thr Cys Thr Ser Cys	
8125 8130 8135	
gct tta taa atttacacgg gaaactattc caaa atg gat cag aaa gat tgc	98409
Ala Leu Met Asp Gln Lys Asp Cys	
8140 8145	
agt cat ttt ttt tac agg ccg gag tgt cca gat ata aac aat tta	98454
Ser His Phe Phe Tyr Arg Pro Glu Cys Pro Asp Ile Asn Asn Leu	
8150 8155 8160	
cgt gcc ctg agc att tcg aat cgt tgg tta gaa agc gat ttt atc	98499
Arg Ala Leu Ser Ile Ser Asn Arg Trp Leu Glu Ser Asp Phe Ile	
8165 8170 8175	
att gaa gat gat tat caa tac ttg gac tgt tta acg gaa gat gaa	98544

Ile Glu Asp Asp Tyr	Gln Tyr Leu Asp Cys	Leu Thr Glu Asp Glu	
8180	8185	8190	
cta ata ttc tac aga	ttt att ttt aca ttt	tta tcg gcg gca gat	98589
Leu Ile Phe Tyr Arg	Phe Ile Phe Thr Phe	Leu Ser Ala Ala Asp	
8195	8200	8205	
gat ctg gta aat gtt	aat ttg ggc tct cta	acc caa ctc ttt tcc	98634
Asp Leu Val Asn Val	Asn Leu Gly Ser Leu	Thr Gln Leu Phe Ser	
8210	8215	8220	
caa aag gat att cac	cat tac tac att gaa	caa gag tgc atc gag	98679
Gln Lys Asp Ile His	His Tyr Tyr Ile Glu	Gln Glu Cys Ile Glu	
8225	8230	8235	
gtt gtc cac gcg cgt	gtc tat agt caa att	caa cta atg ttg ttc	98724
Val Val His Ala Arg	Val Tyr Ser Gln Ile	Gln Leu Met Leu Phe	
8240	8245	8250	
aga ggg gat gaa tcg	ttg cgg gta caa tac	gta aat gtc act att	98769
Arg Gly Asp Glu Ser	Leu Arg Val Gln Tyr	Val Asn Val Thr Ile	
8255	8260	8265	
aat aat ccg tcg atc	caa caa aaa gta caa	tgg ttg gaa gaa aag	98814
Asn Asn Pro Ser Ile	Gln Gln Lys Val Gln	Trp Leu Glu Glu Lys	
8270	8275	8280	
gta cgg gac aac cca	tcc gtt gca gaa aaa	tat ata cta atg att	98859
Val Arg Asp Asn Pro	Ser Val Ala Glu Lys	Tyr Ile Leu Met Ile	
8285	8290	8295	
ctt ata gag ggc att	ttt ttt gta tca tcg	ttc gcg gct att gca	98904
Leu Ile Glu Gly Ile	Phe Phe Val Ser Ser	Phe Ala Ala Ile Ala	
8300	8305	8310	
tat tta cgc aat aac	gga cta ttt gtt gta	act tgt caa ttt aac	98949
Tyr Leu Arg Asn Asn	Gly Leu Phe Val Val	Thr Cys Gln Phe Asn	
8315	8320	8325	
gac ctt ata agc cga	gat gaa gcc ata cat	acc agc gca tcg tgt	98994
Asp Leu Ile Ser Arg	Asp Glu Ala Ile His	Thr Ser Ala Ser Cys	
8330	8335	8340	
tgt ata tac aat aac	tat gta ccc gaa aaa	ccc gct atc acc aga	99039
Cys Ile Tyr Asn Asn	Tyr Val Pro Glu Lys	Pro Ala Ile Thr Arg	
8345	8350	8355	
ata cat caa ctg ttt	tcg gaa gcc gtt gaa	atc gag tgt gcg ttt	99084
Ile His Gln Leu Phe	Ser Glu Ala Val Glu	Ile Glu Cys Ala Phe	
8360	8365	8370	

tta aaa tcc cat gca ccc aaa acc cgt ttg gtg aac gtc gat gca	99129
Leu Lys Ser His Ala Pro Lys Thr Arg Leu Val Asn Val Asp Ala	
8375 8380 8385	
att aca caa tac gtg aaa ttc agc gcg gac agg ctt tta tca gcg	99174
Ile Thr Gln Tyr Val Lys Phe Ser Ala Asp Arg Leu Leu Ser Ala	
8390 8395 8400	
att aat gta cca aaa cta ttt aac acc cca cct ccc gat tcg gac	99219
Ile Asn Val Pro Lys Leu Phe Asn Thr Pro Pro Pro Asp Ser Asp	
8405 8410 8415	
ttt cca ctt gca ttt atg att gca gat aaa aac aca aat ttt ttt	99264
Phe Pro Leu Ala Phe Met Ile Ala Asp Lys Asn Thr Asn Phe Phe	
8420 8425 8430	
gag aga cac agt aca tct tat gcg ggc aca gtg ata aac gat tta	99309
Glu Arg His Ser Thr Ser Tyr Ala Gly Thr Val Ile Asn Asp Leu	
8435 8440 8445	
taa catgtatata cgagcaaaat aaaacaatga accattaagt cgctcttatg	99362
tgtgttttta ttccaatatt ttgttaatac agtgtttagt gggagtggag taggaataaa	99422
ctgttttaaaa atacgtgcgt attggcgagc cattttttcc ccttttaagt tatgatataa	99482
ggtgttaata accatatatg ggtctgccgt attttgcata atatttacac gtttcattaa	99542
ctttaggcga ccgcgggtca atggagttac cacggcgatt atatgttcaa caaatgcgcg	99602
ttccaaatta tccaatgggg aggatgaggg tggcagaagg tttaaagccc aactggcgtc	99662
tactgtcacc tccgatcggg tagatgcata ttggaaacg gacactccgt tttctgtttt	99722
acccgacgtg gctacggtaa gacttttgaa aacctcgcca tgtctccacg agtcgtaagt	99782
gggggagcgc gttgaagtgt ccatttgatg tggaactttc aggccggtat cctgaataac	99842
ttgctgaaca gatttttaggt tgtcacttgt atgcaaactg gtctgacagc gaacaaaggc	99902
aacaaaaaat tcagggtatg taattcctaa atattgaagc aaatcgcgac atcgactac	99962
tggagcaaac ataggaattg catctaaca aatatcacag cccatgaaga gtaaatacgt	100022
atctgtcgta taaaccaaag ccactgtacg cgatatgaaat aagtttgcac atgcctcgtc	100082
cgctcaatg tcaaccgcct cgacgtatgc ataccatc catctaataa gacttgaca	100142
caatttgtga tataatcgat ggtaggatg tcctcgggat ggcattgtag aggtaagact	100202

gcatacgttt tggtcgcgca ggcagatcgt cttgtcagtt tgtcgtggac aaccgtccaa 100262
 aaacatatcc tgggatttgt tttcttcgct aggaatacaa ctcgtggaag agtttcgaaa 100322
 cacactgtca tatgtttccg atgttttgtt atacttgata gaacatgatg tgttggatga 100382
 tagtagaaca cgggttaagt ccgaggttcc cttttcatcg tggttcatgg cccgtgacat 100442
 aattgccttg gctccacgtg ataatgggcc gtctgtacaa cgttccaata caaatatcgg 100502
 atagtatgac cgttgtgtta atagccgcaa taagactcca agacaatgta tcgttacaga 100562
 tgggccgtgt aaattctcgc gtttaccac agggataaaa cgttccaaca atgtgtacat 100622
 gacgttccat acgtctaccg ccacgggggt taaaactccg ggtggcggtg aaatgatgct 100682
 gggtttaacc agtttatgtt catggataaa gcgtgtcagt ccaaagagcc ccatcaatac 100742
 acttaaccaa gtttatatcg tcttgtgaaa ggtttcacag cggcttcagt aattcttcga 100802
 tgtgatcttg tgtaattac agacgtatat aatgatgtac atatttttta tgacaaacat 100862
 tacatcaaat ctggtaactt cttacgtatt ttattgcaca gtccctatta aggaacaccc 100922
 cctgtatttg aacacgtgga aatgttcct cccatgggcc gtactattca aatatcatgc 100982
 ctgtttatgt acttaagtca ccggatcggg ttaaacaac atattaacga aactcgtgtg 101042
 ttacatatg attacttttt ctatagtaaa cattttaagt agtaaatt atg gat ttg 101099
 Met Asp Leu

agg tcg cgt aca gac gat gct ttg gac atg gaa ttg cat gcg ggt 101144
 Arg Ser Arg Thr Asp Asp Ala Leu Asp Met Glu Leu His Ala Gly
 8450 8455 8460

ttt gac gcc cca gaa atc gcc aga gct gtt tta acg gaa aaa acg 101189
 Phe Asp Ala Pro Glu Ile Ala Arg Ala Val Leu Thr Glu Lys Thr
 8465 8470 8475

ctt act ggt tta att tcg tct ata tca cct ctg gtt aat aga cta 101234
 Leu Thr Gly Leu Ile Ser Ser Ile Ser Pro Leu Val Asn Arg Leu
 8480 8485 8490

agg gat tct att tta ata ttc agc gac gaa gga tta att att cac 101279
 Arg Asp Ser Ile Leu Ile Phe Ser Asp Glu Gly Leu Ile Ile His
 8495 8500 8505

tgt agt ttg gaa aca gaa caa ctg tat att cct ata ccg gca aat 101324

Cys 8510	Ser	Leu	Glu	Thr	Glu	Gln 8515	Leu	Tyr	Ile	Pro	Ile 8520	Pro	Ala	Asn			
atg	ttt	gac	cag	tat	aat	tgg	act	ggg	ccg	aga	atg	gtt	gta	ctc			101369
Met	Phe	Asp	Gln	Tyr	Asn	Trp	Thr	Gly	Pro	Arg	Met	Val	Val	Leu			
8525						8530					8535						
gcg	gca	acg	gag	gga	cgg	tcc	tcg	ctt	att	gac	gcg	ttt	cgc	cat			101414
Ala	Ala	Thr	Glu	Gly	Arg	Ser	Ser	Leu	Ile	Asp	Ala	Phe	Arg	His			
8540						8545					8550						
aca	aaa	gat	ccg	tcg	acc	cca	aca	cgg	tta	tat	ttt	aaa	ttt	acc			101459
Thr	Lys	Asp	Pro	Ser	Thr	Pro	Thr	Arg	Leu	Tyr	Phe	Lys	Phe	Thr			
8555						8560					8565						
gga	caa	ccc	ccc	gag	cgg	agt	att	atc	caa	acg	atg	gta	tgg	caa			101504
Gly	Gln	Pro	Pro	Glu	Arg	Ser	Ile	Ile	Gln	Thr	Met	Val	Trp	Gln			
8570						8575					8580						
cgc	ccg	ggt	gat	tgt	ggt	cca	gat	gat	caa	gta	caa	tgt	tac	aaa			101549
Arg	Pro	Gly	Asp	Cys	Gly	Pro	Asp	Asp	Gln	Val	Gln	Cys	Tyr	Lys			
8585						8590					8595						
caa	gtt	gta	aaa	cgt	gaa	ctc	gct	tgt	tat	aca	atg	atg	ttt	cca			101594
Gln	Val	Val	Lys	Arg	Glu	Leu	Ala	Cys	Tyr	Thr	Met	Met	Phe	Pro			
8600						8605					8610						
aat	cta	act	cca	gat	ata	agc	att	tgc	tta	aaa	cgc	gat	caa	ttc			101639
Asn	Leu	Thr	Pro	Asp	Ile	Ser	Ile	Cys	Leu	Lys	Arg	Asp	Gln	Phe			
8615						8620					8625						
acc	cgt	tta	cag	cga	cta	ctt	aaa	act	ttt	ggg	ttt	aca	aca	tgc			101684
Thr	Arg	Leu	Gln	Arg	Leu	Leu	Lys	Thr	Phe	Gly	Phe	Thr	Thr	Cys			
8630						8635					8640						
ttc	att	cta	aca	gcc	acg	gat	atg	tac	atc	cag	acc	gcc	ggg	ggt			101729
Phe	Ile	Leu	Thr	Ala	Thr	Asp	Met	Tyr	Ile	Gln	Thr	Ala	Gly	Gly			
8645						8650					8655						
ggt	ttt	atc	tca	ttt	aat	gtt	tcc	ttg	gat	ata	aac	gga	agc	aag			101774
Gly	Phe	Ile	Ser	Phe	Asn	Val	Ser	Leu	Asp	Ile	Asn	Gly	Ser	Lys			
8660						8665					8670						
cct	aca	cca	tat	aat	tta	ata	cgc	tca	atc	aca	aat	tca	aaa	agg			101819
Pro	Thr	Pro	Tyr	Asn	Leu	Ile	Arg	Ser	Ile	Thr	Asn	Ser	Lys	Arg			
8675						8680					8685						
atc	ctt	aat	aat	gtt	gtt	tat	ggc	agc	ggg	agt	atg	cgt	gaa	ttt			101864
Ile	Leu	Asn	Asn	Val	Val	Tyr	Gly	Ser	Gly	Ser	Met	Arg	Glu	Phe			
8690						8695					8700						

gga gta tta ttg gaa aca cac Gly Val Leu Leu Glu Thr His 8705	agt gga ttc cgt tct gcc gta caa Ser Gly Phe Arg Ser Ala Val Gln 8715	101909
aat ctt aag tta aca cgg gat Asn Leu Lys Leu Thr Arg Asp 8720	gag acg tgt tat att aat ttt tat Glu Thr Cys Tyr Ile Asn Phe Tyr 8730	101954
ctc gcc tta act aac tcc ccc Leu Ala Leu Thr Asn Ser Pro 8735	atg gtt gga ttg tat atc caa cgt Met Val Gly Leu Tyr Ile Gln Arg 8745	101999
tcc gca ccc gtg cat tct ttt Ser Ala Pro Val His Ser Phe 8750	ttt tat gca acg ttc tta agt ccc Phe Tyr Ala Thr Phe Leu Ser Pro 8760	102044
aaa gac ctt aaa gaa aaa tta Lys Asp Leu Lys Glu Lys Leu 8765	acc tcg atg caa tta ttt gcg aac Thr Ser Met Gln Leu Phe Ala Asn 8775	102089
atg gaa tct gtg aag gat gaa Met Glu Ser Val Lys Asp Glu 8780	cca cca tta aaa aaa aga cgc aat Pro Pro Leu Lys Lys Arg Arg Asn 8790	102134
tta tta aca aaa aga aac gaa Leu Leu Thr Lys Arg Asn Glu 8795	aaa aat acc gga aat aaa atg ggg Lys Asn Thr Gly Asn Lys Met Gly 8805	102179
ggg aaa ctc ccc gaa acc aca Gly Lys Leu Pro Glu Thr Thr 8810	tgg cag gag gga atc gga att cgc Trp Gln Glu Gly Ile Gly Ile Arg 8820	102224
gaa tat tgt gtg gct cct cca Glu Tyr Cys Val Ala Pro Pro 8825	gtg gac cct gca gga acc ctg gat Val Asp Pro Ala Gly Thr Leu Asp 8835	102269
tat tct gaa tta tca cgt gaa Tyr Ser Glu Leu Ser Arg Glu 8840	tct gac gta ata tgt aca gtt aaa Ser Asp Val Ile Cys Thr Val Lys 8850	102314
taa gtgcaacttt tgcttatatt ttacatacaa acttgtgtgt accatagatg		102367
aacacatittt tatttgtttt gaattattaa acttaagac atg gcc Met Ala Val Asn Gly 8855	gtg aat ggt	102421
gaa aga gct gtc cat gat gaa Glu Arg Ala Val His Asp Glu 8860	aac ctg ggt gtg tta gac aga gaa Asn Leu Gly Val Leu Asp Arg Glu 8870	102466

tta atc	cgc gct	caa tca	atc	caa gga	tgt gtc	gga	aac cct	caa	102511
Leu Ile	Arg Ala	Gln Ser	Ile	Gln Gly	Cys Val	Gly	Asn Pro	Gln	
8875			8880			8885			
gaa tgt	aat tcg	tgt gca	ata	acc tca	gca tcg	cgg	ttg ttt	ctc	102556
Glu Cys	Asn Ser	Cys Ala	Ile	Thr Ser	Ala Ser	Arg	Leu Phe	Leu	
8890			8895			8900			
gtg gga	cta caa	gca agc	gtt	atc acg	tcc ggg	tta	att tta	caa	102601
Val Gly	Leu Gln	Ala Ser	Val	Ile Thr	Ser Gly	Leu	Ile Leu	Gln	
8905			8910			8915			
tat cac	gtc tgc	gaa gct	gcc	gtc aat	gca act	att	atg ggg	ttg	102646
Tyr His	Val Cys	Glu Ala	Ala	Val Asn	Ala Thr	Ile	Met Gly	Leu	
8920			8925			8930			
atc gtc	gtt tcg	ggg tta	tgg	cca aca	tcc gtg	aaa	ttt cta	cgc	102691
Ile Val	Val Ser	Gly Leu	Trp	Pro Thr	Ser Val	Lys	Phe Leu	Arg	
8935			8940			8945			
aca tta	gca aaa	ttg gga	cga	tgt ttg	cag acg	gtg	gtc gtg	ttg	102736
Thr Leu	Ala Lys	Leu Gly	Arg	Cys Leu	Gln Thr	Val	Val Val	Leu	
8950			8955			8960			
ggg ttt	gct gtg	tta tgg	gcg	gtt ggt	tgc cca	ata	tcc cgg	gat	102781
Gly Phe	Ala Val	Leu Trp	Ala	Val Gly	Cys Pro	Ile	Ser Arg	Asp	
8965			8970			8975			
ctt cca	ttt gta	gaa tta	ctg	gga att	tcc ata	tcc	gcg att	acc	102826
Leu Pro	Phe Val	Glu Leu	Leu	Gly Ile	Ser Ile	Ser	Ala Ile	Thr	
8980			8985			8990			
gga aca	gtg gct	gct gtg	cat	atc cat	tac tac	aac	ttt gtt	acg	102871
Gly Thr	Val Ala	Ala Val	His	Ile His	Tyr Tyr	Asn	Phe Val	Thr	
8995			9000			9005			
aca ttc	aat gga	ccg cat	att	tat ttt	tat gtt	atg	atg ttg	gga	102916
Thr Phe	Asn Gly	Pro His	Ile	Tyr Phe	Tyr Val	Met	Met Leu	Gly	
9010			9015			9020			
act ggg	ttg gga	ggt tta	cta	acc gtt	att tta	tat	atg tat	gtc	102961
Thr Gly	Leu Gly	Gly Leu	Leu	Thr Val	Ile Leu	Tyr	Met Tyr	Val	
9025			9030			9035			
agt aaa	tat gag	gtt ctt	att	gga ttg	tgt ata	tct	att gtc	aca	103006
Ser Lys	Tyr Glu	Val Leu	Ile	Gly Leu	Cys Ile	Ser	Ile Val	Thr	
9040			9045			9050			
cta gtt	tca att	gtc gat	gcc	gcc acc	gat ttg	caa	gat acg	tgt	103051

Leu Val 9055	Ser Ile Val 9055	Asp Ala 9060	Ala Thr Asp Leu Gln 9065	Asp Thr Cys 9065	
ata tat Ile Tyr 9070	cgt aaa aat Arg Lys Asn 9070	cgc cat Arg His 9075	aag caa tta aac Lys Gln Leu Asn 9080	act tat aca gat Thr Tyr Thr Asp 9080	103096
tta ggt Leu Gly 9085	ttt gcc gtt Phe Ala Val 9085	gta tat Val Tyr 9090	aca caa aat gac Thr Gln Asn Asp 9095	cgc ggg aga gta Arg Gly Arg Val 9095	103141
tgt gac Cys Asp 9100	cat cga gaa agt His Arg Glu Ser 9100	tcc Ser Ser 9105	cgg acc ctt aaa Arg Thr Leu Lys 9110	cgc gtg ttt aaa Arg Val Phe Lys 9110	103186
gga att Gly Ile 9115	cgt ata atg tct Arg Ile Met Ser 9120	gtt Val 9120	ata ccc ccg gtg Ile Pro Pro Val 9125	tta tat ata gtt Leu Tyr Ile Val 9125	103231
acc cca Thr Pro 9130	tta atg tgg gca Leu Met Trp Ala 9135	atc Ile 9135	tca cat ata att Ser His Ile Ile 9140	aaa tta aat cat Lys Leu Asn His 9140	103276
ttt atc Phe Ile 9145	aaa ctt aca caa Lys Leu Thr Gln 9150	gta Val 9150	acg tta gca gtt Thr Leu Ala Val 9155	tca ata gga ggt Ser Ile Gly Gly 9155	103321
cat att His Ile 9160	ata gca ttt ggg Ile Ala Phe Gly 9165	tta Leu 9165	cag ggt ttt gcc Gln Gly Phe Ala 9170	gtt tta tat caa Val Leu Tyr Gln 9170	103366
gaa aaa Glu Lys 9175	aaa aac cta tgg Lys Asn Leu Trp 9180	gta Val 9180	att gta tta tat Ile Val Leu Tyr 9185	aca acg acc tcg Thr Thr Thr Ser 9185	103411
gtg acg Val Thr 9190	ggt ata gct gta Gly Ile Ala Val 9195	aca Thr 9195	ttt gcc ggc att Phe Ala Gly Ile 9200	tca tgg gga gct Ser Trp Gly Ala 9200	103456
att ata Ile Ile 9205	att cta aca tca Ile Leu Thr Ser 9210	aca Thr 9210	gtt gcg gcg ggt Val Ala Ala Gly 9215	ttg acg tgt att Leu Thr Cys Ile 9215	103501
cag atg Gln Met 9220	atg aga cta agc Met Arg Leu Ser 9225	gtt Val 9225	aaa cct att gac Lys Pro Ile Asp 9230	tgt ttt atg gca Cys Phe Met Ala 9230	103546
tct cat Ser His 9235	atc act aaa gta Ile Thr Lys Val 9240	tat Tyr 9240	cac gtg tgt gtt His Val Cys Val 9245	tat att ata ata Tyr Ile Ile Ile 9245	103591

aat cta tgc tat cta tgt ggt aca tat gta tcg taa tcgagataaa 103637
 Asn Leu Cys Tyr Leu Cys Gly Thr Tyr Val Ser
 9250 9255

taaagttttt aaagttgcaa aagccgtttt tattattccc aatgtcgaaa aaaacgtttc 103697

catcatittaa attccgcggt gggtgtttta atcttttatt taaggggagc gtggatgtgt 103757

caataaaaac cagg atg aag cgg ata caa ata aat tta att tta acg 103804
 Met Lys Arg Ile Gln Ile Asn Leu Ile Leu Thr
 9260 9265 9270

atc gcg tgt ata caa tta tcg act gaa tct caa ccc aca ccc gta 103849
 Ile Ala Cys Ile Gln Leu Ser Thr Glu Ser Gln Pro Thr Pro Val
 9275 9280 9285

agt ata act gaa tta tat acc tcg gcc gct acc cga aag ccc gat 103894
 Ser Ile Thr Glu Leu Tyr Thr Ser Ala Ala Thr Arg Lys Pro Asp
 9290 9295 9300

ccc gcc gtc gcg ccc acc tcg gcc gct tcc cga aag ccc gat ccc 103939
 Pro Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro
 9305 9310 9315

gcc gtc gcg ccc acc tcg gcc gct tcc cga aag ccc gat ccc gcc 103984
 Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala
 9320 9325 9330

gtc gcg ccc acc tcg gcc gct tcc cga aag ccc gat ccc gcc gtc 104029
 Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val
 9335 9340 9345

gcg ccc acc tcg gcc gct acc cga aag ccc gat ccc gcc gtc gcg 104074
 Ala Pro Thr Ser Ala Ala Thr Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala
 9350 9355 9360

ccc acc tcg gcc gct tcc cga aag ccc gat ccc gcc gtc gcg ccc 104119
 Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala Pro
 9365 9370 9375

acc tcg gcc gct acc cga aag ccc gat ccc gcc gtc gcg ccc acc 104164
 Thr Ser Ala Ala Thr Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala Pro Thr
 9380 9385 9390

tcg gcc gct tcc cga aag ccc gat ccc gca gcc aac acc caa cat 104209
 Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala Ala Asn Thr Gln His
 9395 9400 9405

tca caa cca cct ttt cta tat gaa aat ata caa tgc gtt cac ggc 104254

Ser	Gln	Pro	Pro	Phe	Leu	Tyr	Glu	Asn	Ile	Gln	Cys	Val	His	Gly	
				9410					9415					9420	
gga	ata	caa	tcc	ata	ccc	tat	ttt	cac	aca	ttt	atc	atg	cct	tgt	104299
Gly	Ile	Gln	Ser	Ile	Pro	Tyr	Phe	His	Thr	Phe	Ile	Met	Pro	Cys	
				9425					9430					9435	
tac	atg	cgt	cta	acg	acc	gga	caa	cag	gcg	gcc	ttt	aag	cag	caa	104344
Tyr	Met	Arg	Leu	Thr	Thr	Gly	Gln	Gln	Ala	Ala	Phe	Lys	Gln	Gln	
				9440					9445					9450	
caa	aaa	aca	tat	gaa	caa	tat	tct	tta	gat	ccg	gaa	ggc	tca	aat	104389
Gln	Lys	Thr	Tyr	Glu	Gln	Tyr	Ser	Leu	Asp	Pro	Glu	Gly	Ser	Asn	
				9455					9460					9465	
ata	aca	agg	tgg	aag	tcg	ctt	ata	cgc	ccc	gat	ctt	cat	att	gaa	104434
Ile	Thr	Arg	Trp	Lys	Ser	Leu	Ile	Arg	Pro	Asp	Leu	His	Ile	Glu	
				9470					9475					9480	
gtt	tgg	ttt	acg	cgt	cac	ctt	ata	gat	ccg	cac	cgt	caa	ctg	ggc	104479
Val	Trp	Phe	Thr	Arg	His	Leu	Ile	Asp	Pro	His	Arg	Gln	Leu	Gly	
				9485					9490					9495	
aat	gcg	tta	ata	cgc	atg	cca	gat	tta	ccg	gtt	atg	tta	tat	agc	104524
Asn	Ala	Leu	Ile	Arg	Met	Pro	Asp	Leu	Pro	Val	Met	Leu	Tyr	Ser	
				9500					9505					9510	
aac	agt	gcc	gat	tta	aac	tta	ata	aac	aac	cct	gag	ata	ttt	aca	104569
Asn	Ser	Ala	Asp	Leu	Asn	Leu	Ile	Asn	Asn	Pro	Glu	Ile	Phe	Thr	
				9515					9520					9525	
cac	gct	aag	gaa	aat	tat	gta	ata	cca	gat	gtt	aaa	aca	acg	tct	104614
His	Ala	Lys	Glu	Asn	Tyr	Val	Ile	Pro	Asp	Val	Lys	Thr	Thr	Ser	
				9530					9535					9540	
gat	ttt	tct	gta	aca	att	tta	tct	atg	gat	gct	acc	acg	gag	gga	104659
Asp	Phe	Ser	Val	Thr	Ile	Leu	Ser	Met	Asp	Ala	Thr	Thr	Glu	Gly	
				9545					9550					9555	
acg	tat	att	tgg	cga	gtc	gtt	aat	aca	aaa	act	aag	aac	gtc	ata	104704
Thr	Tyr	Ile	Trp	Arg	Val	Val	Asn	Thr	Lys	Thr	Lys	Asn	Val	Ile	
				9560					9565					9570	
tcg	gaa	cac	agt	att	aca	gtt	aca	acg	tat	tat	cgt	cca	aat	att	104749
Ser	Glu	His	Ser	Ile	Thr	Val	Thr	Thr	Tyr	Tyr	Arg	Pro	Asn	Ile	
				9575					9580					9585	
acc	gtt	gtc	ggc	gat	cca	gtc	tta	acc	gga	cag	aca	tac	gca	gcc	104794
Thr	Val	Val	Gly	Asp	Pro	Val	Leu	Thr	Gly	Gln	Thr	Tyr	Ala	Ala	
				9590					9595					9600	

tac tgt aac gta tca	aag tat tat cca ccg	cac tcg gta cgt gtt	104839
Tyr Cys Asn Val Ser	Lys Tyr Tyr Pro Pro	His Ser Val Arg Val	
9605	9610	9615	
cgg tgg act tca agg	ttt ggt aac atc gga	aaa aat ttt ata acc	104884
Arg Trp Thr Ser Arg	Phe Gly Asn Ile Gly	Lys Asn Phe Ile Thr	
9620	9625	9630	
gat gca ata caa gaa	tat gcc aat gga tta	ttt agt tat gtt tcg	104929
Asp Ala Ile Gln Glu	Tyr Ala Asn Gly Leu	Phe Ser Tyr Val Ser	
9635	9640	9645	
gcg gta cga att cca	cag caa aaa caa atg	gat tac cca ccc cca	104974
Ala Val Arg Ile Pro	Gln Gln Lys Gln Met	Asp Tyr Pro Pro Pro	
9650	9655	9660	
gcc atc caa tgt aat	gtt tta tgg att cgg	gat ggc gtc tct aat	105019
Ala Ile Gln Cys Asn	Val Leu Trp Ile Arg	Asp Gly Val Ser Asn	
9665	9670	9675	
atg aaa tat tct gct	gtc gtt acc cct gac	gtc tat cca ttt ccc	105064
Met Lys Tyr Ser Ala	Val Val Thr Pro Asp	Val Tyr Pro Phe Pro	
9680	9685	9690	
aac gtg tct ata ggt	att att gat gga cac	ata gta tgt acg gca	105109
Asn Val Ser Ile Gly	Ile Ile Asp Gly His	Ile Val Cys Thr Ala	
9695	9700	9705	
aaa tgt gtg cca cgt	ggc gtt gta cat ttc	gta tgg tgg gtt aac	105154
Lys Cys Val Pro Arg	Gly Val Val His Phe	Val Trp Trp Val Asn	
9710	9715	9720	
gat tct ccc att aac	cac gaa aac agt gag	att act ggg gtg tgt	105199
Asp Ser Pro Ile Asn	His Glu Asn Ser Glu	Ile Thr Gly Val Cys	
9725	9730	9735	
gat caa aac aaa cgg	ttt gta aac atg caa	agt tct tgt cca aca	105244
Asp Gln Asn Lys Arg	Phe Val Asn Met Gln	Ser Ser Cys Pro Thr	
9740	9745	9750	
tcg gaa ctc gac gga	cct atc acc tat tcg	tgt cat cta gat ggt	105289
Ser Glu Leu Asp Gly	Pro Ile Thr Tyr Ser	Cys His Leu Asp Gly	
9755	9760	9765	
tac cct aaa aaa ttc	cct ccg ttt tcg gcc	gtt tat acc tac gat	105334
Tyr Pro Lys Lys Phe	Pro Pro Phe Ser Ala	Val Tyr Thr Tyr Asp	
9770	9775	9780	
gca tct acc tac gcc	act aca ttt tcc gtt	gta gca gtt ata att	105379

Ala Ser Thr Tyr Ala Thr Thr Phe Ser Val Val Ala Val Ile Ile
 9785 9790 9795

ggt gtg ata tct atc ctt ggg aca ttg ggt ctt atc gca gtt atc 105424
 Gly Val Ile Ser Ile Leu Gly Thr Leu Gly Leu Ile Ala Val Ile
 9800 9805 9810

gca acc cta tgc atc cgt tgc tgt tca taa acagaaacca accaaacgcg 105474
 Ala Thr Leu Cys Ile Arg Cys Cys Ser
 9815

tctgtgtata tcattttatt acattcgcaa cacatctact gtcttgacaa catttaaaaa 105534
 tccattaaag agccatttcc atttttaggg gggggtgtgg attatatcca tcaagctgaa 105594
 aatcgcccc tttaaagtcg tttatatctg ttacatttcg aataatttta aggcaaggaa 105654
 aaggttttgg ggatcgagct agctgcactt ttaaagcatc tatatgattc aagtaaatat 105714
 gtgcatcccc cattgtatga attaaatctc cggttttaag tcctgtaaca tgcgctacta 105774
 tgtaggtaag aagtgcatac ccagcaatgt tgaacggtac cccaaggccc atatcccccg 105834
 atctctggta tacttggcag gataattcac cgtttgcaac gtaaaactga cataacgtgt 105894
 gacatggagg tagtaccatt aaggggatat cttttggatt ccaagacgat ataatcattc 105954
 gtcggctttc tgggtttgtt ttaattgtat ctataacagt ttgcagctga tcgattcctt 106014
 gctgtaaata gtttgattga cagtctttat attccgctcc aaaatgtctc cactggaagc 106074
 cgtaaattggg gccaaagtcc cccgtgtgtc ttttatggaa gccattccta tttagaaatt 106134
 tgctcgatcc gtatatatcc catatgtgta tatcttttagc ggcgagttct ttggaatcgg 106194
 ttgaccgcg gataaacat aacaactctt ccacgacggc cctccaaaaa acacgctttg 106254
 tagttaaaag aggaaattca tttcgcaaat tgtatcgagc ttgcattcca aataaagata 106314
 acgttccgat tcctgttcga tcgcgtttcc gaactccata ccttaaaata tcatccactt 106374
 gttttaagta ctgaagttcg ccggttaacg taaaaccgga cacctttgtc caacatgaca 106434
 agtctcccat ggtaccggta ataatcgta aatacaaacg accacttgat attgtgggta 106494
 cattaagtaa aatttaaagg agtaattcct tttataaccc aatcaaccaa tcagaccttt 106554
 aaataacgca gtccaattat tgaacagaaa atacgcaata gactattttc tcccaaattc 106614
 cccaatttta acctggttgt ggaaatgacc gccaaagtgc ctagtccata actatctatt 106674

aaccgctgta cttaatgatg actccttaggc gtatittttcc taaacgtaac cgtgggtttta 106734
catctaacgg gaacgtcgtt ggggtataaaa tctgggtgata agtcatcgtc tgtatgcatg 106794
tctccggagg tgtacccgtt aaggctatcc acatccaggt ctgaagatga gttaaaaccc 106854
acttccttgg gtggatatatt ttcatatacg tgatcattta aagatgcttg ggttttctatg 106914
tgacgtaaat ccgatctttg gtcaaacatt gtgtttgatt catcccgaac cggaccttca 106974
tattccgcct ttatccgggt gtaatgatca ggatacgttg ggtcaactgg actaccgtcc 107034
gtatggccta tgtccagaca gtggtttttt cggacagtta catccaaacc cgtgtctgga 107094
cgaactaaaa cgcgagaagt ccgctgtcta tttgtatcgg gtgctatact gttaaacgg 107154
gcttctgtat taattacatg cgaacttgca ttacgtcgt cagataaata atttcccggt 107214
aaacagacac attccaaatt ccctatacct gtccctattg gagatcccag tcgattaaaa 107274
cgaatatacg gctgatcaga cacactcgat ggttcggata tacgtcttaa atgtaacgga 107334
gtataccgtt tactggcggc aagaacctga gcataatact ttgtgggttt acccccatgt 107394
gctaaaatac tctgcgccac ggcccgggaa aaccacatat gggtgctggt ctctaacaca 107454
accaactgt gtgttgacat tgttctgacc aactgaccg caaaatataa aaaccgtccc 107514
tgggcacgta gcgcctttta tatataagga tcgtttaatc ccccatcccc ccaacatgca 107574
tatccaataa gcatcatatt aattaagtat tgaaaatggt ggtgcaaaag cgtaataagt 107634
tcaaccgccg caacaattgc agctgcggtt ccatttaaac catcccgcca ctcttccttt 107694
cgccataata cactaatacg caaaagcgca gtaagagcgc tggcagttgt tgctgctaaa 107754
ataaacgcaa ctctgtgcc cgctgagacc gcaggaccg tttttaaatg tcgtctaagc 107814
aatcatctg gaataacaga cgcgcgcggc cctcgaatcc gtcgaaattg aagtttgaga 107874
tggcgacata ccctggcgtc cacaacgtcc aagaaccata acatccaccc gtagccagta 107934
gccgtgtaag ccgcaatttc ttgtacacgt attcttgtat ccgggctggg gttttagga 107994
tcatctggac gcataaaata catatacttt tgcacagctc ctaacgcctc acgtagctcc 108054
tgacatattc cccggtaatc cgaatttata actttagatt taaaaggatg tctggatatt 108114
ggtttattgg caactacgga tgaaaacaac aaaaccgtgg atttagactt tttatttacc 108174

ttctctgaag tcaccggtac ctccggtcct gtgggtgtatt tgagatactg ccaatatgta 108234
ttttcataaa cccaccaaag tccatcccca gaaagtttca ggtcatccaa acatctttga 108294
attgtttcca tataacgctg cataaaccgg tcatgaacat cgtagacat acacgagacc 108354
accaacgatt caggaacatt attatgggtg aatccaagca gaacactgtg tctttcggta 108414
ctttgtaaaa ccggcgatgt taggctgtcg gtcttttcag ataaagcctt taccgccgtc 108474
tccaaagcct cgccgggctg tggaataaga catccatccc tcacgcgctc gctggttatg 108534
cggtgggaaa tagaacacca gtcccgggta ggtgtgggca aatcacgttc gccggcatta 108594
aaacttttgt aactaccatc ataagattta cgcgttctat catcgctgga aaaggaacgc 108654
gcaaaccgag aaaacattgc gatatggaca aattatatct tgtaaaggct gatcctcacg 108714
gacccccac acaacacaca caacaaattt taaggctctaa acagagattt tattttacaa 108774
actcctttgt ggggtgtggct aggaaacgtt cttttcatcc taatgaaaaa aatcacaacc 108834
cttaatatatt tcgtagtaaa tgcattggta cgcttttcca atccaaaccc agaatttcat 108894
tcctgtattg cataagattt tcggctaggt ccacggaggg aatgggctgt tctcggggat 108954
agatgggtctc caatcccaca aaacggaagt tcatctctat aggtgatgcc tgaactatcc 109014
tgtcttgctc tttgggtaaa acgtccgttg tcggtcgaat ccccaaagtt tgcattgcat 109074
catcgcggtc tttccaaaag gatgttaaag tttgggtgagc gtaaagagga cttgctgcca 109134
acattaaagt attatatgca tctaaaatac ctccgggggat gtaaattgaa catcctccgt 109194
acaacgcagc accggagaga agcaacaaaa gaagatttgc atgaccaac acccgttgta 109254
acaataaaac ggccccagg tacgcgctta ccattaaatc ggtctcactt tccttataac 109314
aatcggcaaa ctctatcata aaatttgttg ctgctgtgagc aacagcctca tatccgggta 109374
attcgtgtgc aatagttgag taggattcac aaacagttgg gaggtcgacc tcgcctaaca 109434
gtaataacct taaatcacat aacaggtcac tattaaccgg gatatagtaa tagggcagag 109494
attcacagac cgcgatgtaa gccgaacggg aatggtaagg agcagctaaa tacattgcag 109554
ttgctctaca gatccagttc aacattcctc caccaagagt aacatacaac gtaaaaaatg 109614
acgctaacat ttcccgttcc gttggggtaaa attgtggctt taaactatgt gtacgtgaaa 109674

ataaaaacca ttcggcaagt tccatgtgac cggtagcata tcgcaccaa gatgtagatg 109734
gttcacttat agcaattctt agttcgggcc aatatgccaa cgccccaaaa aaaccacgca 109794
taatggcaac cgttggacce cgatttggca aaaccaactg tgtcacttgg agtacgtcgg 109854
gtacggcttc tcgtggtaat cgggcaagat ggtcttctaa ccaacatgga tccccacgc 109914
caaaattatc gttacgtccc aaaaaaatac agtttgcgct aatacgaatt gccgcgtcta 109974
acaaaaatcc taatccatct ccatgtgaaa tgcgattaga aatagcgcgt gctgctgtgg 110034
ataatatcat gtgatgccaa atggccgttc cttggccac agcacgtaag gacacgtcat 110094
aaaaccagg aatgtgttgt acatacat taccgcatt atatggaagt gcgtagacgg 110154
aattccaacg cgggccgtat ttatgtgttt tactggaagc cgcctatct aaaaatacat 110214
cttcaactaa aatacgttct atagaaattg gctgggcat aaattcaata ggaaaaatca 110274
ataaaagttc accaagtgtc atgttaggaa gggctggtat agttctcaa atctgtgggg 110334
gtgtcatccg ggaagtatca aactgatacc gtaaataaat tgggtcgtat aatccttga 110394
ccgtaataata ttcgcgacgg gtacattcgc gcatagcaa ccaggactca tcaaaccat 110454
tatgcgctaa catagagcct gttagggtaa caggttcaac acaacgtttt gatacat 110514
gttcctttga taccgcaggc tccataacct ttgcaatgcg aagatcggtat ctgtaacta 110574
tttccgggtc taacgtaaaa taaacctcat ccgcgtctcg actgcaaact tgacttacag 110634
aaaaataatc ctctccgcc tctccctcgt cgtcgatcgc gtcctcctcc gccgcgtcct 110694
cctccgcctc tccctcgtcg tcgatcgcgt cctcctccgc ctctccctcc tccgcctc 110754
cctcctccgc ctctccctcc tccgcctcct cctcgtcgtc aatcgcgctc tccctccgct 110814
ctccctcctc cgcctctccc tcgtcgtcaa tcgctcctc ctccgcctct ccctcctccg 110874
cctctccctc gtcgtcgatc ggcctcctc cgcctctcc ctctccgcc tctccctcgt 110934
cgtcgatcgc gtccgtattg atgttgattt cctcattagc ttccctctcc gttaatttaa 110994
atatgcgatt ttcattgtctg gaagttgatg tattttgttc ggatccatta tatgtagaat 111054
gatgtaaggc gtatcccga aaatcatccg atgcgtcaga actgctgtcc tgatccatct 111114
cggagttcag tagttcttga accgcaacta atgtttctga attggacaat atctggggtg 111174

ggtgtgtata ccaattgggt gaccgataac gtgttccgtg tgtgtgacgg ggggagtctg 111234
tggtattaga cgatatccgc tgtcggcggg attgcctccg gttataatga cccgactgca 111294
tacttataac cgagacaaac aaacgcgcct gtaaaacatc ccagggtcgc ggtacgcaat 111354
acgcatacac tcgttggggc ttcttttata tatgggactt tagagcacat gacagacata 111414
ccatatacgg cgcatgttaa aaataaaaaa cgcatgcacg ttttcgtaat ttatttacac 111474
cctctacccc aatgacgttt aacgcgttaa aaaccacac gtgggtgggc gtgggtgggtc 111534
ccccggcagg atctcggatg gggacggagg tgctaaaatc atagcttcga tgctactacc 111594
gtagtttcta ttttcaaca cttttgcgta aggatgatcc gctcgtacat gtctcgggtc 111654
ttgaggatgt ttgaccgcat atgcgtctaa cttacgtta atgtgggtggg taagaaaacc 111714
caccgaccgt ggtaaataa ccgaaaatga gggttgttga accaacggag atttgttttc 111774
ttcaacaaga ccacatctaa ctagaggcag tcccagttct cggcggcggg aatttatattc 111834
cctcaaggca gacgctgtta gtggtttccc ttctaataac acaatgccgt ggttgcataa 111894
tacaggatga aacgcacacg tgaactgtcg acgttcggtc caggtgaatt ttaaagccgc 111954
aaacacgtcc ggggtgtgcag attgactggc gtacaaacgc caggaaaatt cacgcgttac 112014
ggttaaatat aaatgtagg acagaagacg cgccaaactt gccacctcac gataatatct 112074
aagtagaata ctttgcctga gttgcgtgta agctttctgg tcagggtttt gtatattaag 112134
acctattgtc gtccttttcg ccgttccttg gagataacgt ataatcgatt tacaataagt 112194
aactagtagt tttgtgtatg cttcttcccg ggcgcgtagt tctacggtaa acgaatcctg 112254
gacctcctga acgtaagctg gaagccccgt cggttgcttt ggtggactag gcaatcgaac 112314
ggaacccccg gttgttaaat taaacatttc aacatggctt ttggttgaaa cggttgagat 112374
aacgtcatct ggatccgggg ataaaaccat catatcgga tataggtcct cattaatagg 112434
aaaacatgag aataaatcct cgttccaggt ttcaagacat gatagtaaac gcggcccttc 112494
tgaaaaatca agatcccgt ttaactgttg atataaaatt ttagggctag ctaccaagg 112554
cggagacgga gcagttttaa ctgcatgtga atataacgac gtttcaaac caatatccga 112614
tgctacatca ccaaacaacg attcatcaaa tgcgtccaca accgcttggt ccgttttact 112674

acgattccac gtatctgtac taggatgttc ggttcctaaa ttacactcca tacttataga 112734
gtaaaatctt tagtttaaata aagcgattcc ctttatcaaa acccgccgtc taatgggggtt 112794
tgtttggttag caactgatta taaactgttc ataataccac gtggtactat ttaaacagtt 112854
tataatatgt gacatataat acacatttat aataaacaca aaccacgact gtcttttata 112914
cgtttattta ttatacataa taccgggtaa accgttactg cgtaattata tccctatittt 112974
cgcgatatcag ttcttgatgc agaacgggcc ctacttcgat tagttatacg cccagtcggt 113034
tgtgtatccg ttcgactttt tggcttacga acttgtgcgt acatagggttc attacccatg 113094
ccccctgta aatctccagt ttttcgatta tgtccacgtt tggataccga tgctccttca 113154
cctagggtctg cttcattagc ggcttgtatt aaatttaaac cctcatgcac cgtaatacga 113214
ataacggctc cggttaacaa acggtctaata tcggcggttat tccttggggg attactattc 113274
caagccgctt cggcagcctt ttgtgcctgc atggcgggta cgcgccggac cgcttcacaa 113334
aagacgcgtt tgttatatga tggcgtagga ccgcaccacg agcttgttgc ggtttttgggt 113394
gcagtgtga aggaaattgg tctcccgtg gcaattgcgc ctgctcccgg gggagctcgc 113454
ttcggtgaaat cctctaattt aggtttaacc gccgcatttt tagtaaaaga tctagatggt 113514
ttttctacac ttagcgggtt ttcataatac gcactttcaa ccagttcatg tctcaaacgg 113574
gcctcccgaa aggcgccac tacttcatcg atgtcttcaa agtcatcttc cgatccgctg 113634
gagtcgtttg gttgatgtac gcgaggggtc gtatttttat gttcaaaata aagatccgcg 113694
tacactggag aaggagaatc ggccccaact gtggtaatgt aaccaacga gtcgtctgaa 113754
tcatcggggg gtcctacgac cacacttcgc cgcgcggttc gatattgtcc ggaataacta 113814
ggcgttgttt tacgacgcac tgcattagag cgacaaagtc tgtcaccgtc ggaagatgcc 113874
attacgtaaa taaacgatag ggtcgtgaaa tatccaaaca cggcagaccg cgtattaaac 113934
aggggcccctc ttatacacgc ctgccccttt tataggcaaa cgggtttacc acgtgctgcg 113994
taatacagaa cgagtaaata accggaaaca cgcataata gctaacgaaa taagggtctac 114054
acacaccccc aaaagggtatg cgtagaagaa aagggtggtg atcattgatc cgtcgatata 114114
aactccacga gccgaacagc tggcatgccaa aaaattccgt tctgcaaagt ttggctcccc 114174

actgctgtct tcacaaaaaa ataaaatttg catcgttatt aat atg aac gaa gcg 114229
Met Asn Glu Ala
9820

gta att gat ccc atc ttg gaa acg gca gta aat aca ggt gat atg 114274
Val Ile Asp Pro Ile Leu Glu Thr Ala Val Asn Thr Gly Asp Met
9825 9830 9835

ttt tgt agc caa act att ccg aat cgg tgt tta aaa gat aca att 114319
Phe Cys Ser Gln Thr Ile Pro Asn Arg Cys Leu Lys Asp Thr Ile
9840 9845 9850

tta ata gaa gtt caa cct gaa tgt gca gat acg ctg caa tgc gtg 114364
Leu Ile Glu Val Gln Pro Glu Cys Ala Asp Thr Leu Gln Cys Val
9855 9860 9865

tta gac gat aaa gta agt cga cat caa ccg ttg tta ctc cgg aac 114409
Leu Asp Asp Lys Val Ser Arg His Gln Pro Leu Leu Leu Arg Asn
9870 9875 9880

cac aag aaa ctc gaa ctg cca tct gaa aaa tct gta aca cgg ggc 114454
His Lys Lys Leu Glu Leu Pro Ser Glu Lys Ser Val Thr Arg Gly
9885 9890 9895

ggt ttt tat atg cag cag ttg gag ctg ttg gtt aag tcg gcg cct 114499
Gly Phe Tyr Met Gln Gln Leu Glu Leu Leu Val Lys Ser Ala Pro
9900 9905 9910

ccc aat gaa tac gca ctg ttg tta att caa tgc aaa gat act gcc 114544
Pro Asn Glu Tyr Ala Leu Leu Leu Ile Gln Cys Lys Asp Thr Ala
9915 9920 9925

ctt gct gat gaa gac aat ttt ttt gtc gcc aac gga gtt att gat 114589
Leu Ala Asp Glu Asp Asn Phe Phe Val Ala Asn Gly Val Ile Asp
9930 9935 9940

gcg ggt tac aga gga gta att tca gcc ctt ttg tat tac cgg cca 114634
Ala Gly Tyr Arg Gly Val Ile Ser Ala Leu Leu Tyr Tyr Arg Pro
9945 9950 9955

gga gta acc gtt att tta ccc gga cat tta aca atc tac ttg ttc 114679
Gly Val Thr Val Ile Leu Pro Gly His Leu Thr Ile Tyr Leu Phe
9960 9965 9970

ccg gta aaa tta aga caa agt cgc ctt ctc cca aaa aac gtt ctt 114724
Pro Val Lys Leu Arg Gln Ser Arg Leu Leu Pro Lys Asn Val Leu
9975 9980 9985

aaa cat ctg gat cca att ttt aaa tcg ata caa gtt caa ccc tta 114769

Lys	His	Leu	Asp	Pro	Ile	Phe	Lys	Ser	Ile	Gln	Val	Gln	Pro	Leu
9990						9995					10000			
tca aac	tcg ccg	tca aat	tat				gaa aaa	ccc gtt	ata		cct gaa	ttt	114814	
Ser Asn	Ser Pro	Ser Asn	Tyr				Glu Lys	Pro Val	Ile		Pro Glu	Phe		
10005			10010						10015					
gct gat	att tcc	acg gta	cag				cag ggg	caa cct	tta		cat agg	gat	114859	
Ala Asp	Ile Ser	Thr Val	Gln				Gln Gly	Gln Pro	Leu		His Arg	Asp		
10020			10025						10030					
tct gca	gaa tac	cat atc	gat				gtt ccc	tta acc	tac		aaa cat	atc	114904	
Ser Ala	Glu Tyr	His Ile	Asp				Val Pro	Leu Thr	Tyr		Lys His	Ile		
10035			10040						10045					
atc aat	cca aaa	cgc caa	gaa				gac gcg	gga tat	gat		att tgt	gta	114949	
Ile Asn	Pro Lys	Arg Gln	Glu				Asp Ala	Gly Tyr	Asp		Ile Cys	Val		
10050			10055						10060					
cca tat	aac cta	tat tta	aaa				agg aat	gaa ttt	ata		aaa att	gtc	114994	
Pro Tyr	Asn Leu	Tyr Leu	Lys				Arg Asn	Glu Phe	Ile		Lys Ile	Val		
10065			10070						10075					
tta ccg	att ata	aga gac	tgg				gac tta	caa cat	ccg		agt ata	aac	115039	
Leu Pro	Ile Ile	Arg Asp	Trp				Asp Leu	Gln His	Pro		Ser Ile	Asn		
10080			10085						10090					
gct tat	att ttt	gga aga	tca				tcg aaa	agc cga	tca		ggc att	atc	115084	
Ala Tyr	Ile Phe	Gly Arg	Ser				Ser Lys	Ser Arg	Ser		Gly Ile	Ile		
10095			10100						10105					
gtg tgt	cca acg	gca tgg	cct				gca gga	gaa cac	tgt		aaa ttc	tac	115129	
Val Cys	Pro Thr	Ala Trp	Pro				Ala Gly	Glu His	Cys		Lys Phe	Tyr		
10110			10115						10120					
gta tat	aat ctc	acg ggt	gat				gac ata	cgt ata	aaa		acg gga	gat	115174	
Val Tyr	Asn Leu	Thr Gly	Asp				Asp Ile	Arg Ile	Lys		Thr Gly	Asp		
10125			10130						10135					
cgt ctt	gca cag	gtc ctg	tta				ata gat	cac aac	acc		caa ata	cac	115219	
Arg Leu	Ala Gln	Val Leu	Leu				Ile Asp	His Asn	Thr		Gln Ile	His		
10140			10145						10150					
tta aaa	cac aac	gtt tta	agt				aat att	gca ttt	cct		tat gct	atc	115264	
Leu Lys	His Asn	Val Leu	Ser				Asn Ile	Ala Phe	Pro		Tyr Ala	Ile		
10155			10160						10165					
cgc ggt	aaa tgt	ggc ata	ccg				ggt gta	caa tgg	tat		ttt act	aaa	115309	
Arg Gly	Lys Cys	Gly Ile	Pro				Gly Val	Gln Trp	Tyr		Phe Thr	Lys		
10170			10175						10180					

acg tta gat cta ata gcc aca ccc agc gaa cgg gga acg cgt gga 115354
 Thr Leu Asp Leu Ile Ala Thr Pro Ser Glu Arg Gly Thr Arg Gly
 10185 10190 10195

ttt ggt tca act gat aaa gaa aca aac gat gtc gat ttt cta cta 115399
 Phe Gly Ser Thr Asp Lys Glu Thr Asn Asp Val Asp Phe Leu Leu
 10200 10205 10210

aaa cat taa atgtaataac cagccagcc agcaatgttt taattttata 115448
 Lys His
 10215

tacaaaataa aaacatacac cagaaacgtt tttagttttt atttcaatat ttatacaagc 115508

ataacatggg atttcttgat cgcgggggtt gtgcgttgta catcttgcgt ctgttttggg 115568

gtcaacacgg gctgaagagt ttctgtcgga tacgtttttt ttgttaggtt agatgtgtta 115628

ttatccgata cttctataag tgggggttta atttcagata attgtgtcgc ctccgattta 115688

ataggtgatg tttttaaac cacattttcc cctttagcta tagataattc atggttgtgg 115748

gaaacatcaa acgatgcctg aggttttagca acgaccccaa gagttttctc caaaagaaca 115808

acatcagaca tgaccattc actttcagcg gtcattctca gggtttgatc gacaatatca 115868

tccgtagtaa catccaccgc gccaacgat aaatacaaat gggtaattgc agctaaacac 115928

atatcagcaa gccgttttga gttttccatg tgtgaacgga ccacggcggtt aagaccgggg 115988

ttatcttcag taaaatggtg ctgtttttaa cattcaatgt tacgagaaca tgcagcgtaa 116048

gttcgcgcca aagcctgggc gcggaccaa cgacgggtat tatctgcaga agcgactacg 116108

tcttctaacg ttagaggtgc aggcaataat ccattcacag cggttaaagc ctcttgagg 116168

cggagcaggg cggctccttg ggggtgcgtg tttacacgca cctcttcata agatggctct 116228

tcagttggta ttcgagcata tccacataag ctggcacaca ccgtctgcat gattgactgg 116288

ctttccaacg tattgaact atg gat aaa tcc tcc aaa ccg acg att cgg 116337
 Met Asp Lys Ser Ser Lys Pro Thr Ile Arg
 10220 10225

tta tta ttt gcc aca aag gga tgt gca atc tcc cac tcg ctg ttg 116382
 Leu Leu Phe Ala Thr Lys Gly Cys Ala Ile Ser His Ser Leu Leu
 10230 10235 10240

ttg ctt acc ggg cag ata agc aca gaa cct ctg tat gtg gtg agt 116427

Leu Leu Thr Gly Gln 10245	Ile Ser Thr Glu Pro 10250	Leu Tyr Val Val Ser 10255	
tat act tgg act ccc Tyr Thr Trp Thr Pro 10260	gac tta gat gac gtc Asp Leu Asp Asp Val 10265	ttt gtc aaa aat ggg Phe Val Lys Asn Gly 10270	116472
agg gaa gag atc acg Arg Glu Glu Ile Thr 10275	caa gta atc cca act Gln Val Ile Pro Thr 10280	aaa cgc cca cgt gaa Lys Arg Pro Arg Glu 10285	116517
gta act gaa aac gat Val Thr Glu Asn Asp 10290	gaa gaa aac caa ata Glu Glu Asn Gln Ile 10295	atg cat tta ttt tgt Met His Leu Phe Cys 10300	116562
agt agg gac gtc aac Ser Arg Asp Val Asn 10305	gtt att ttt tat tta Val Ile Phe Tyr Leu 10310	att ggt gga ttt tca Ile Gly Gly Phe Ser 10315	116607
act gga gat gta cga Thr Gly Asp Val Arg 10320	tcc cgg gtc tgg cct Ser Arg Val Trp Pro 10325	ata ttt ttt tgt tgt Ile Phe Phe Cys Cys 10330	116652
ttt aaa acc caa act Phe Lys Thr Gln Thr 10335	gat ttt aaa gct tta Asp Phe Lys Ala Leu 10340	tat aag gcg tta tgg Tyr Lys Ala Leu Trp 10345	116697
tat gga gca ccc cta Tyr Gly Ala Pro Leu 10350	aat ccg cat ata ata Asn Pro His Ile Ile 10355	tct gat acc cta tgt Ser Asp Thr Leu Cys 10360	116742
ata tcg gag acg ttt Ile Ser Glu Thr Phe 10365	gac att cac tcg gaa Asp Ile His Ser Glu 10370	gtt ata caa act ctg Val Ile Gln Thr Leu 10375	116787
atg gta aca aca cac Met Val Thr Thr His 10380	cat tta aac cga aag His Leu Asn Arg Lys 10385	gga tta tcg gac aac Gly Leu Ser Asp Asn 10390	116832
ggc cta tgc atc aca Gly Leu Cys Ile Thr 10395	gag gca aca ctc tgc Glu Ala Thr Leu Cys 10400	aag tta gtt aaa aaa Lys Leu Val Lys Lys 10405	116877
tcc gtt ggt cgt cag Ser Val Gly Arg Gln 10410	gag cta aca tca tta Glu Leu Thr Ser Leu 10415	tat gcc cat tac gaa Tyr Ala His Tyr Glu 10420	116922
cgt caa gta ttg gct Arg Gln Val Leu Ala 10425	gca tat cga cga ctc Ala Tyr Arg Arg Leu 10430	tac tgg ggg tat gga Tyr Trp Gly Tyr Gly 10435	116967

tgc tcg ccg ttt tgg	tat att gtt cga ttt	gga ccc tct gaa aaa	117012
Cys Ser Pro Phe Trp	Tyr Ile Val Arg Phe	Gly Pro Ser Glu Lys	
10440	10445	10450	
acg cta gtg ttg gct	aca cgc tat tac ttg	tta caa acg gac aca	117057
Thr Leu Val Leu Ala	Thr Arg Tyr Tyr Leu	Leu Gln Thr Asp Thr	
10455	10460	10465	
agt tac aat acg ttg	gaa acc ccc tta tat	gac tta cag gca att	117102
Ser Tyr Asn Thr Leu	Glu Thr Pro Leu Tyr	Asp Leu Gln Ala Ile	
10470	10475	10480	
aaa gat ttg ttt tta	act tac caa gtc ccg	gca tta cct aat tgt	117147
Lys Asp Leu Phe Leu	Thr Tyr Gln Val Pro	Ala Leu Pro Asn Cys	
10485	10490	10495	
agt ggg tac aat att	tcg gac ttg ttg tct	ttt gat aaa ctt tcc	117192
Ser Gly Tyr Asn Ile	Ser Asp Leu Leu Ser	Phe Asp Lys Leu Ser	
10500	10505	10510	
atg ttt tgt tgt tcc	tca aca tat aca cga	ggt ttg aca gcc aaa	117237
Met Phe Cys Cys Ser	Ser Thr Tyr Thr Arg	Gly Leu Thr Ala Lys	
10515	10520	10525	
aat gct cta tcg tac	att tta cag cga ata	cat aca gac aca acg	117282
Asn Ala Leu Ser Tyr	Ile Leu Gln Arg Ile	His Thr Asp Thr Thr	
10530	10535	10540	
gaa ata cac gca gta	tcg gag tat att acc	aac gat aga aaa ggc	117327
Glu Ile His Ala Val	Ser Glu Tyr Ile Thr	Asn Asp Arg Lys Gly	
10545	10550	10555	
ctt aaa gtt cca gac	cgt gaa ttt gtt gat	tat att tat ctg gca	117372
Leu Lys Val Pro Asp	Arg Glu Phe Val Asp	Tyr Ile Tyr Leu Ala	
10560	10565	10570	
cat ttt gaa tgt ttc	aat cgg aaa cag atc	gca gac cac cta caa	117417
His Phe Glu Cys Phe	Asn Arg Lys Gln Ile	Ala Asp His Leu Gln	
10575	10580	10585	
gcg gtt aca tac tca	gat ttt gtg aat aaa	ccg gtc ctc tta aaa	117462
Ala Val Thr Tyr Ser	Asp Phe Val Asn Lys	Pro Val Leu Leu Lys	
10590	10595	10600	
tca tcc aac ctg gga	aaa aga gct act gct	aat ttt ttt aat cat	117507
Ser Ser Asn Leu Gly	Lys Arg Ala Thr Ala	Asn Phe Phe Asn His	
10605	10610	10615	
gta cgt tct cgt ctc	aac atg cgt gac tat	ata aaa aag aac gta	117552

Val Arg Ser Arg Leu	Asn Met Arg Asp Tyr	Ile Lys Lys Asn Val	
10620	10625	10630	
att tgt gat gtc act	gaa ctt gga cct gag	att gga cat aaa tat	117597
Ile Cys Asp Val Thr	Glu Leu Gly Pro Glu	Ile Gly His Lys Tyr	
10635	10640	10645	
aca att act aaa aca	tat act tta agt ctt	acg tat gcc gca aaa	117642
Thr Ile Thr Lys Thr	Tyr Thr Leu Ser Leu	Thr Tyr Ala Ala Lys	
10650	10655	10660	
cct agc aag ttt ata	ggc gta tgt gac cta	gct aca acg cta act	117687
Pro Ser Lys Phe Ile	Gly Val Cys Asp Leu	Ala Thr Thr Leu Thr	
10665	10670	10675	
cgt cgt gtg gaa aac	att gaa aaa caa ttt	agt cca tat gga tgg	117732
Arg Arg Val Glu Asn	Ile Glu Lys Gln Phe	Ser Pro Tyr Gly Trp	
10680	10685	10690	
tcc tcc act att ccc	tca aat cca ccc ggt	ttt gac gaa ttg tct	117777
Ser Ser Thr Ile Pro	Ser Asn Pro Pro Gly	Phe Asp Glu Leu Ser	
10695	10700	10705	
aat ttt gag gat tcg	ggc gtt tcc gcg gag	gcg tta cga gca gcc	117822
Asn Phe Glu Asp Ser	Gly Val Ser Ala Glu	Ala Leu Arg Ala Ala	
10710	10715	10720	
aac ttt gca aac gat	aca cct aac caa agt	ggc cgt act ggt ttt	117867
Asn Phe Ala Asn Asp	Thr Pro Asn Gln Ser	Gly Arg Thr Gly Phe	
10725	10730	10735	
gat acg agc ccg ggg	att aca aaa cta tta	ctg ttt ttc tct gct	117912
Asp Thr Ser Pro Gly	Ile Thr Lys Leu Leu	Leu Phe Phe Ser Ala	
10740	10745	10750	
gcc act ggg ata gcc	aca cat gat gta tcc	atc ctg agt tat aaa	117957
Ala Thr Gly Ile Ala	Thr His Asp Val Ser	Ile Leu Ser Tyr Lys	
10755	10760	10765	
act cca tta gaa gcc	ctc atc ggc cat tct	gag gta act gga cca	118002
Thr Pro Leu Glu Ala	Leu Ile Gly His Ser	Glu Val Thr Gly Pro	
10770	10775	10780	
atg cct gta tat cgg	gta gcc ttg cct cac	ggc gcc caa gca ttt	118047
Met Pro Val Tyr Arg	Val Ala Leu Pro His	Gly Ala Gln Ala Phe	
10785	10790	10795	
gct gtt att gct aat	gat acg tgg tca tca	ata aca aac cgt tac	118092
Ala Val Ile Ala Asn	Asp Thr Trp Ser Ser	Ile Thr Asn Arg Tyr	
10800	10805	10810	

act tta ccg cac gag	gct cga tta att gcg	gag gac ctt aaa caa	118137
Thr Leu Pro His Glu	Ala Arg Leu Ile Ala	Glu Asp Leu Lys Gln	
10815	10820	10825	
att aat cca tgt aat	ttt gtt gcc gct tca	cta cga gat atg cag	118182
Ile Asn Pro Cys Asn	Phe Val Ala Ala Ser	Leu Arg Asp Met Gln	
10830	10835	10840	
ttg act tta cta tta	tct acg tct gtt aaa	aac gtt tct aaa att	118227
Leu Thr Leu Leu Leu	Ser Thr Ser Val Lys	Asn Val Ser Lys Ile	
10845	10850	10855	
tca tca aac ata ccc	aaa gat cag ctt tat	ata aac agg aat gag	118272
Ser Ser Asn Ile Pro	Lys Asp Gln Leu Tyr	Ile Asn Arg Asn Glu	
10860	10865	10870	
cta ttt aat aca aat	ctt ata atc aca aac	ctc ata ctt gat gta	118317
Leu Phe Asn Thr Asn	Leu Ile Ile Thr Asn	Leu Ile Leu Asp Val	
10875	10880	10885	
gac ttt cat ata aga	aaa ccc atc cca ttg	ggt att tta cat gcc	118362
Asp Phe His Ile Arg	Lys Pro Ile Pro Leu	Gly Ile Leu His Ala	
10890	10895	10900	
ggc atg cga gca ttt	cgt cat ggt att tta	acg gcc atg caa tta	118407
Gly Met Arg Ala Phe	Arg His Gly Ile Leu	Thr Ala Met Gln Leu	
10905	10910	10915	
ctt ttt cca aag gcc	gtg gta aac cct aac	aaa gac cca tgt tat	118452
Leu Phe Pro Lys Ala	Val Val Asn Pro Asn	Lys Asp Pro Cys Tyr	
10920	10925	10930	
ttt tat aaa act gca	tgt cct gaa cct acc	gtt gag gtg ttg gat	118497
Phe Tyr Lys Thr Ala	Cys Pro Glu Pro Thr	Val Glu Val Leu Asp	
10935	10940	10945	
gat gat aat tta ttg	gat ata acc agc cat	tct gac atc gat ttt	118542
Asp Asp Asn Leu Leu	Asp Ile Thr Ser His	Ser Asp Ile Asp Phe	
10950	10955	10960	
tac ata gaa aat ggc	gaa tta tac acg tgt	gta gaa gag aat tat	118587
Tyr Ile Glu Asn Gly	Glu Leu Tyr Thr Cys	Val Glu Glu Asn Tyr	
10965	10970	10975	
aca gag gat gta tgg	ttt ttt gat aca cag	aca acg tct gaa gtc	118632
Thr Glu Asp Val Trp	Phe Phe Asp Thr Gln	Thr Thr Ser Glu Val	
10980	10985	10990	
cat aca cac gcc gat	gta tca aac aat gaa	aac ttg cat gaa act	118677

His Thr His Ala Asp	Val Ser Asn Asn Glu	Asn Leu His Glu Thr	
10995	11000	11005	
cta ccc tgt aac tgt	aaa gag aaa ata ggt	ttc agg gta tgc gta	118722
Leu Pro Cys Asn Cys	Lys Glu Lys Ile Gly	Phe Arg Val Cys Val	
11010	11015	11020	
cca atc cca aat ccc	tat gcg tta gtg ggg	tct tcc act tta aag	118767
Pro Ile Pro Asn Pro	Tyr Ala Leu Val Gly	Ser Ser Thr Leu Lys	
11025	11030	11035	
ggg ttt gca caa ata	tta cag caa gcg gtg	ttg ctg gaa cgg gaa	118812
Gly Phe Ala Gln Ile	Leu Gln Gln Ala Val	Leu Leu Glu Arg Glu	
11040	11045	11050	
ttt gtt gaa tat att	ggt ccg tat tta cgg	gac ttt tcg ttt ata	118857
Phe Val Glu Tyr Ile	Gly Pro Tyr Leu Arg	Asp Phe Ser Phe Ile	
11055	11060	11065	
gat act ggt gtt tat	agc cac gga cat agt	tta aga ctg cct ttt	118902
Asp Thr Gly Val Tyr	Ser His Gly His Ser	Leu Arg Leu Pro Phe	
11070	11075	11080	
ttc tcc aaa gta aca	acc aca ggg acg gcg	gtt gga caa cta ctc	118947
Phe Ser Lys Val Thr	Thr Thr Gly Thr Ala	Val Gly Gln Leu Leu	
11085	11090	11095	
cca ttt tat gtt gta	cct gag cag tgt att	gat ata tta gcg ttt	118992
Pro Phe Tyr Val Val	Pro Glu Gln Cys Ile	Asp Ile Leu Ala Phe	
11100	11105	11110	
gtg aca tca cat aga	aac ccg gca aac ttt	cat ttt cat tca aga	119037
Val Thr Ser His Arg	Asn Pro Ala Asn Phe	His Phe His Ser Arg	
11115	11120	11125	
ccg cag tcg aat gtt	cca gtg caa ttt att	tta cat aac ctt ggg	119082
Pro Gln Ser Asn Val	Pro Val Gln Phe Ile	Leu His Asn Leu Gly	
11130	11135	11140	
ggg gaa tac gca gag	ttt ttt gaa cgt aag	gtt gcg cgt aat aaa	119127
Gly Glu Tyr Ala Glu	Phe Phe Glu Arg Lys	Val Ala Arg Asn Lys	
11145	11150	11155	
caa ata ttt agc tcc	ccg caa ata tct tta	aca aag gct cta aaa	119172
Gln Ile Phe Ser Ser	Pro Gln Ile Ser Leu	Thr Lys Ala Leu Lys	
11160	11165	11170	
gag cgc ggg gta act	tgt ctg gac gca ttt	aca ctg gag gcc ttt	119217
Glu Arg Gly Val Thr	Cys Leu Asp Ala Phe	Thr Leu Glu Ala Phe	
11175	11180	11185	

gtc gac agc aca ata tta gaa tct att gtg gag cat att gct gtt 119262
 Val Asp Ser Thr Ile Leu Glu Ser Ile Val Glu His Ile Ala Val
 11190 11195 11200

cat ttc ccc ggg cgt gat cgc gaa tat acc tta aca tca tca aag 119307
 His Phe Pro Gly Arg Asp Arg Glu Tyr Thr Leu Thr Ser Ser Lys
 11205 11210 11215

tgt atc gcc atc aaa agg gac tgg gtg tta ttt cag ctc ata tgc 119352
 Cys Ile Ala Ile Lys Arg Asp Trp Val Leu Phe Gln Leu Ile Cys
 11220 11225 11230

gga aca aaa ggg ttc act tgt ctt cga tat ccc cat cgc gga gga 119397
 Gly Thr Lys Gly Phe Thr Cys Leu Arg Tyr Pro His Arg Gly Gly
 11235 11240 11245

aga acg gct ccc cgg aca ttt gtg tct ctg cga gtg gat cat cac 119442
 Arg Thr Ala Pro Arg Thr Phe Val Ser Leu Arg Val Asp His His
 11250 11255 11260

aac cgt ttg tgt att tcg ctt gca caa caa tgt ttt gct aca aag 119487
 Asn Arg Leu Cys Ile Ser Leu Ala Gln Gln Cys Phe Ala Thr Lys
 11265 11270 11275

tgc gat agc aat cgc atg cat aca atc ttt act cta gaa gta cct 119532
 Cys Asp Ser Asn Arg Met His Thr Ile Phe Thr Leu Glu Val Pro
 11280 11285 11290

aat tat cca aat tta act tcg agt taa caccaaccgt gtgatactac 119579
 Asn Tyr Pro Asn Leu Thr Ser Ser
 11295

atcgtgcttg aattgccatc ttccacgggt c atg cag gct tta gga atc 119628
 Met Gln Ala Leu Gly Ile
 11300

aag aca gaa cat ttt ata att atg tgt cta ctt agc gga cat gct 119673
 Lys Thr Glu His Phe Ile Ile Met Cys Leu Leu Ser Gly His Ala
 11305 11310 11315

gtt ttt acc cta tgg tat acc gct cgt gta aag ttt gaa cat gag 119718
 Val Phe Thr Leu Trp Tyr Thr Ala Arg Val Lys Phe Glu His Glu
 11320 11325 11330

tgt gtg tat gca acc acg gtg att aat ggt gga ccg gtt gta tgg 119763
 Cys Val Tyr Ala Thr Thr Val Ile Asn Gly Gly Pro Val Val Trp
 11335 11340 11345

ggg tct tat aac aac tct ctt ata tat gta acg ttt gta aac cac 119808

Gly 11350	Ser	Tyr	Asn	Asn	Ser 11355	Leu	Ile	Tyr	Val	Thr 11360	Phe	Val	Asn	His
tca	acg	ttt	ttg	gat	ggc	cta	tct	gga	tac	gat	tac	agc	tgc	cgg 119853
Ser 11365	Thr	Phe	Leu	Asp	Gly 11370	Leu	Ser	Gly	Tyr	Asp 11375	Tyr	Ser	Cys	Arg
gaa	aat	cta	tta	tca	gga	gat	act	atg	gta	aaa	acc	gct	att	tct 119898
Glu 11380	Asn	Leu	Leu	Ser	Gly 11385	Asp	Thr	Met	Val	Lys 11390	Thr	Ala	Ile	Ser
aca	cct	ttg	cat	gac	aaa	att	cga	att	gtt	ctg	gga	aca	cgt	aat 119943
Thr 11395	Pro	Leu	His	Asp	Lys 11400	Ile	Arg	Ile	Val	Leu 11405	Gly	Thr	Arg	Asn
tgt	cac	gct	tat	ttt	tgg	tgc	gtg	cag	cta	aaa	atg	att	ttt	ttt 119988
Cys 11410	His	Ala	Tyr	Phe	Trp 11415	Cys	Val	Gln	Leu	Lys 11420	Met	Ile	Phe	Phe
gca	tgg	ttt	gta	tat	ggt	atg	tat	tta	caa	ttt	cga	cga	ata	cgt 120033
Ala 11425	Trp	Phe	Val	Tyr	Gly 11430	Met	Tyr	Leu	Gln	Phe 11435	Arg	Arg	Ile	Arg
cgt	atg	ttt	ggg	cca	ttc	cga	tca	tcc	tgt	gag	tta	ata	tcc	ccc 120078
Arg 11440	Met	Phe	Gly	Pro	Phe 11445	Arg	Ser	Ser	Cys	Glu 11450	Leu	Ile	Ser	Pro
aca	tca	tat	tca	ctg	aat	tac	gta	aca	cgg	gtt	att	tcg	aac	att 120123
Thr 11455	Ser	Tyr	Ser	Leu	Asn 11460	Tyr	Val	Thr	Arg	Val 11465	Ile	Ser	Asn	Ile
ctt	ctt	ggt	tac	cca	tat	aca	aag	ttg	gca	agg	ttg	tta	tgt	gat 120168
Leu 11470	Leu	Gly	Tyr	Pro	Tyr 11475	Thr	Lys	Leu	Ala	Arg 11480	Leu	Leu	Cys	Asp
gtt	tcc	atg	cga	cgg	gat	ggt	atg	agt	aaa	gta	ttt	aat	gct	gac 120213
Val 11485	Ser	Met	Arg	Arg	Asp 11490	Gly	Met	Ser	Lys	Val 11495	Phe	Asn	Ala	Asp
cct	ata	agt	ttt	tta	tat	atg	cat	aaa	ggt	gtt	acg	tta	ttg	atg 120258
Pro 11500	Ile	Ser	Phe	Leu	Tyr 11505	Met	His	Lys	Gly	Val 11510	Thr	Leu	Leu	Met
ctt	ttg	gag	gtt	atc	gct	cat	ata	tca	tct	gga	tgt	att	gtg	ctt 120303
Leu 11515	Leu	Glu	Val	Ile	Ala 11520	His	Ile	Ser	Ser	Gly 11525	Cys	Ile	Val	Leu
tta	acg	ctt	ggc	gtt	gca	tat	aca	cca	tgc	gcg	tta	tta	tac	ccc 120348
Leu 11530	Thr	Leu	Gly	Val	Ala 11535	Tyr	Thr	Pro	Cys	Ala 11540	Leu	Leu	Tyr	Pro

aca tac att cgg att ctg gcc tgg gtt gtt gta tgc acg ctc gct 120393
 Thr Tyr Ile Arg Ile Leu Ala Trp Val Val Val Cys Thr Leu Ala
 11545 11550 11555

ata gta gag ctt ata tct tat gtt aga cca aaa cca acc aag gat 120438
 Ile Val Glu Leu Ile Ser Tyr Val Arg Pro Lys Pro Thr Lys Asp
 11560 11565 11570

aat cat tta aat cat atc aat acg ggg gga ata cgt ggt ata tgc 120483
 Asn His Leu Asn His Ile Asn Thr Gly Gly Ile Arg Gly Ile Cys
 11575 11580 11585

aca aca tgt tgc gct aca gta atg tcc ggc ctt gct ata aaa tgt 120528
 Thr Thr Cys Cys Ala Thr Val Met Ser Gly Leu Ala Ile Lys Cys
 11590 11595 11600

ttt tat atc gtc ata ttt gct ata gca gtg gtt att ttt atg cat 120573
 Phe Tyr Ile Val Ile Phe Ala Ile Ala Val Val Ile Phe Met His
 11605 11610 11615

tac gaa caa agg gtg cag gta agc ttg ttt ggg gaa agt gaa aac 120618
 Tyr Glu Gln Arg Val Gln Val Ser Leu Phe Gly Glu Ser Glu Asn
 11620 11625 11630

tcc cag aag cat taa tcatgtgact aaacacgccc attgcgggggt tgggtgagcc 120673
 Ser Gln Lys His
 11635

tataaattct acaacattgg cggaagatac aggcaactgc aaacacgcaa ttgtcagata 120733

ttttgcagcc atg gcc tct gct tca att cca acc gac cca gac gtg 120779
 Met Ala Ser Ala Ser Ile Pro Thr Asp Pro Asp Val
 11640 11645 11650

tct act att tgt gaa gac ttt atg aat ttg cta cca gac gaa cct 120824
 Ser Thr Ile Cys Glu Asp Phe Met Asn Leu Leu Pro Asp Glu Pro
 11655 11660 11665

tcg gat gac ttt gca ttg gaa gtc acc gat tgg gca aat gat gaa 120869
 Ser Asp Asp Phe Ala Leu Glu Val Thr Asp Trp Ala Asn Asp Glu
 11670 11675 11680

gct att ggc tcc act cca ggc gag gac tcc aca acg tct aga act 120914
 Ala Ile Gly Ser Thr Pro Gly Glu Asp Ser Thr Thr Ser Arg Thr
 11685 11690 11695

gtg tat gtg gag cgt act gca gat aca gca tat aat cca cgg tat 120959
 Val Tyr Val Glu Arg Thr Ala Asp Thr Ala Tyr Asn Pro Arg Tyr
 11700 11705 11710

tcc aaa cga agg cac	gga agg cgt gaa agc	tac cac cac aat cgc	121004
Ser Lys Arg Arg His	Gly Arg Arg Glu Ser	Tyr His His Asn Arg	
11715	11720	11725	
ccg aaa act ttg gtt	gtt gta tta ccc gat	tca aac cat cat gga	121049
Pro Lys Thr Leu Val	Val Val Leu Pro Asp	Ser Asn His His Gly	
11730	11735	11740	
gga aga gac gtg gag	act gga tat gca cgc	atc gaa cgg gga cat	121094
Gly Arg Asp Val Glu	Thr Gly Tyr Ala Arg	Ile Glu Arg Gly His	
11745	11750	11755	
cga cga tca tcc aga	tct tat aac act caa	agt tca aga aaa cac	121139
Arg Arg Ser Ser Arg	Ser Tyr Asn Thr Gln	Ser Ser Arg Lys His	
11760	11765	11770	
cgt gat cga tcc ctg	tca aat cga aga cgg	cgt cct aca acg cct	121184
Arg Asp Arg Ser Leu	Ser Asn Arg Arg Arg	Arg Pro Thr Thr Pro	
11775	11780	11785	
cct gca atg acc acg	gga gaa aga aat gat	cag aca cat gac gaa	121229
Pro Ala Met Thr Thr	Gly Glu Arg Asn Asp	Gln Thr His Asp Glu	
11790	11795	11800	
tcg tac agg ttg cga	ttt tcc aag aga gac	gcc cgc cga gag cgt	121274
Ser Tyr Arg Leu Arg	Phe Ser Lys Arg Asp	Ala Arg Arg Glu Arg	
11805	11810	11815	
att cga aaa gag tat	gat atc ccg gtc gat	cga att acg ggc cgt	121319
Ile Arg Lys Glu Tyr	Asp Ile Pro Val Asp	Arg Ile Thr Gly Arg	
11820	11825	11830	
gct att gaa gtc gtc	tcc acc gcg gga gcc	agc gtg acc att gac	121364
Ala Ile Glu Val Val	Ser Thr Ala Gly Ala	Ser Val Thr Ile Asp	
11835	11840	11845	
tcg gta cgc cat tta	gat gaa aca att gaa	aaa ctg gta gtc cga	121409
Ser Val Arg His Leu	Asp Glu Thr Ile Glu	Lys Leu Val Val Arg	
11850	11855	11860	
tat gcc aca ata caa	gag ggt gat tca tgg	gct tcc ggt gga tgt	121454
Tyr Ala Thr Ile Gln	Glu Gly Asp Ser Trp	Ala Ser Gly Gly Cys	
11865	11870	11875	
ttt ccg ggg ata aaa	caa aac aca tct tgg	ccg gag ttg atg ttg	121499
Phe Pro Gly Ile Lys	Gln Asn Thr Ser Trp	Pro Glu Leu Met Leu	
11880	11885	11890	
tac gga cat gaa ctt	tat cgt acc ttt gag	tca tat aaa atg gac	121544

Tyr Gly His Glu Leu	Tyr Arg Thr Phe Glu	Ser Tyr Lys Met Asp	
11895	11900	11905	
tca cgt att gcc cgc	gcg ttg cgt gag aga	gtc ata cgt gga gaa	121589
Ser Arg Ile Ala Arg	Ala Leu Arg Glu Arg	Val Ile Arg Gly Glu	
11910	11915	11920	
tct ttg att gaa gcg	ttg gag tct gcg gat	gaa ctg tta acg tgg	121634
Ser Leu Ile Glu Ala	Leu Glu Ser Ala Asp	Glu Leu Leu Thr Trp	
11925	11930	11935	
att aaa atg tta gcg	gca aaa aac ttg ccc	atc tac aca aat aat	121679
Ile Lys Met Leu Ala	Ala Lys Asn Leu Pro	Ile Tyr Thr Asn Asn	
11940	11945	11950	
ccc att gtt gca acc	tcg aag tca ctt ttg	gag aat tta aag tta	121724
Pro Ile Val Ala Thr	Ser Lys Ser Leu Leu	Glu Asn Leu Lys Leu	
11955	11960	11965	
aag ctg ggg cct ttt	gta aga tgt ctt ctt	cta aac agg gac aac	121769
Lys Leu Gly Pro Phe	Val Arg Cys Leu Leu	Leu Asn Arg Asp Asn	
11970	11975	11980	
gat ttg ggg tct cgt	act ctc ccc gaa ctg	ttg cgc cag caa cgt	121814
Asp Leu Gly Ser Arg	Thr Leu Pro Glu Leu	Leu Arg Gln Gln Arg	
11985	11990	11995	
ttt agt gat atc acg	tgt att act act tat	atg ttt gtt atg att	121859
Phe Ser Asp Ile Thr	Cys Ile Thr Thr Tyr	Met Phe Val Met Ile	
12000	12005	12010	
gcc cgc att gct aat	ata gtt gtc cgt ggc	tct aaa ttt gtg gaa	121904
Ala Arg Ile Ala Asn	Ile Val Val Arg Gly	Ser Lys Phe Val Glu	
12015	12020	12025	
tat gat gat atc agt	tgt aac gtt caa gtg	tta caa gaa tat aca	121949
Tyr Asp Asp Ile Ser	Cys Asn Val Gln Val	Leu Gln Glu Tyr Thr	
12030	12035	12040	
ccc ggg tca tgt ctg	gcc ggt gtt tta gag	gcc cta atc acc cac	121994
Pro Gly Ser Cys Leu	Ala Gly Val Leu Glu	Ala Leu Ile Thr His	
12045	12050	12055	
caa cgc gag tgt ggt	cgt gtt gaa tgt acc	ctc tca act tgg gcc	122039
Gln Arg Glu Cys Gly	Arg Val Glu Cys Thr	Leu Ser Thr Trp Ala	
12060	12065	12070	
ggg cat ctt tct gac	gcc cgt cca tac ggt	aaa tat ttt aag tgt	122084
Gly His Leu Ser Asp	Ala Arg Pro Tyr Gly	Lys Tyr Phe Lys Cys	
12075	12080	12085	

agt acc ttt aac tgc taa aataaaaaat acctttttca tgcttgtcaa 122132
 Ser Thr Phe Asn Cys
 12090

aacataactaa tttgtatttt taatcattaa gcatatttac ctgttagaat agtaaataacc 122192

tatttcatgc ttgtaaaaca tatcaattta tatttttaat cattatacac cacccttga 122252

ttttatcaat tgtttatgtg attctatatt aataaaagac taataaaaat gtaatattgt 122312

gggagttttt aaggcgacgt tggggatata tgggcgggat tacattgctt tcaaaccaat 122372

atctttgcaa ttccgtctct gattcgggta aaacacacac cagacgtgta ccgaacgttt 122432

aatta atg gat aca acg gga gct tcc gaa agc agt caa ccc atc cga 122479
 Met Asp Thr Thr Gly Ala Ser Glu Ser Ser Gln Pro Ile Arg
 12095 12100

gtg aat ctt aaa cct gac ccg ttg gcg tcg ttt aca caa gtt ata 122524
 Val Asn Leu Lys Pro Asp Pro Leu Ala Ser Phe Thr Gln Val Ile
 12105 12110 12115

ccg cca ctg gcg ttg gaa aca acg tgg aca tgc cct gcc aac tca 122569
 Pro Pro Leu Ala Leu Glu Thr Thr Trp Thr Cys Pro Ala Asn Ser
 12120 12125 12130

cat gca ccg acg cca tcc cct ctg tac ggt gtt aag agg tta tgt 122614
 His Ala Pro Thr Pro Ser Pro Leu Tyr Gly Val Lys Arg Leu Cys
 12135 12140 12145

gct ctt cga gca aca tgc ggc cgg gct gat gat tta cac gct ttt 122659
 Ala Leu Arg Ala Thr Cys Gly Arg Ala Asp Asp Leu His Ala Phe
 12150 12155 12160

ttg att gga ctt gga cgt cga gat aaa cca tct gaa tcc cca atg 122704
 Leu Ile Gly Leu Gly Arg Arg Asp Lys Pro Ser Glu Ser Pro Met
 12165 12170 12175

tat gtt gac cta cag ccg ttt tgc agc ctc cta aat tcc caa cga 122749
 Tyr Val Asp Leu Gln Pro Phe Cys Ser Leu Leu Asn Ser Gln Arg
 12180 12185 12190

ctg tta ccg gaa atg gct aat tat aac acc cta tgc gat gca ccc 122794
 Leu Leu Pro Glu Met Ala Asn Tyr Asn Thr Leu Cys Asp Ala Pro
 12195 12200 12205

ttc agc gcc gca act cag cag atg atg ctg gag tcc gga cag ctg 122839
 Phe Ser Ala Ala Thr Gln Gln Met Met Leu Glu Ser Gly Gln Leu
 12210 12215 12220

ggt gta cat ctg gcg gct att ggg tat cac tgt cat tgt aaa tcc 122884
 Gly Val His Leu Ala Ala Ile Gly Tyr His Cys His Cys Lys Ser
 12225 12230 12235

ccc ttc tcg gcg gag tgt tgg acc ggt gca tcc gag gca tac gat 122929
 Pro Phe Ser Ala Glu Cys Trp Thr Gly Ala Ser Glu Ala Tyr Asp
 12240 12245 12250

cat gtt gta tgt ggg gga aaa gcc cga gcg gct gtc ggc gga cta 122974
 His Val Val Cys Gly Gly Lys Ala Arg Ala Ala Val Gly Gly Leu
 12255 12260 12265

tga actacacatt taaataaaaa tacgtacaat cgaaaaaagg tgtatatttat 123027

ttagtgatta catcaatag ccctccgtag gttcggcaaa tctaaccggt tgacagaccg 123087

gctgttgacg gggggatcct ttcaatattc cacgaatgtt ggaaactgtt ggtcttcctt 123147

gggctgttag ggttgggaga gtgggtcggc ctgacgtggt aagtgcggct tcaccagagt 123207

cttctgtcaa gttgcatgtt aacgtcgacg ttatacaagg tgtttcagtg gtattttgcg 123267

cgatattctc ccaaaacata agacgttgca tatgcatatc ataaatatta ccccgccata 123327

aacagagatc tctgttactt aaaccgtgtg tgcggagaaa tgtaccata gatggagcca 123387

gtaaatgcaa gcccgtagca cattcatacc caagcgttgt ggatcgcttt tccttcacgc 123447

ccaaaataat aaatgtcctt gcacctccag gcgtcattgc acgccctatt agacgggcaa 123507

ggctaagacg ttcgccgggt ttgctatatt tgccaataat tacataggtt ttggtacagg 123567

taatgtgtaa cgttcctccg cctggcaggt ctacagttct ccccgcaagc actcgtaata 123627

aacatcgctt ttctgacgcg ggattttcct cggcgggtggc gtttaaaactg ggacgcacca 123687

gagtggagcc cataataaat gcgggaacat gcccatatgc aagtgtctca gaaattacat 123747

gcattttatg attttacggg ggtgggttac gataatagct attaaacaaa cacccaataa 123807

agcatttttt gtagaacctt tattgggtaa cacagtcctt tcacgtgaca ggcaatgtat 123867

aaataacgta cggatgcact taagatgtat cgcacataaa tttatataag ctgtagcaaa 123927

gtataagcaa atcctgttaa tattatattt ttgggatccg ca atg tcc agg gta 123981
 Met Ser Arg Val
 12270

tcg gag tat ggg gta ccg gaa ggt gtt cgg gaa tct gat agc gat 124026

Ser Glu	Tyr Gly Val	Pro Glu	Gly Val Arg	Glu Ser	Asp Ser Asp	
12275		12280		12285		
aca gac	tct gtg ttt atg tat	cag cat aca gag ctt	atg cag aac	124071		
Thr Asp	Ser Val Phe Met Tyr	Gln His Thr Glu Leu	Met Gln Asn			
12290	12295	12300				
aac gcg	tcg cca ctc gtc gtt	caa aca aga cca ccg	gcg gtt ctt	124116		
Asn Ala	Ser Pro Leu Val Val	Gln Thr Arg Pro Pro	Ala Val Leu			
12305	12310	12315				
att cca	ctg gtt gat gtc cca	agg cca cga tcc ccg	aga aag gcg	124161		
Ile Pro	Leu Val Asp Val Pro	Arg Pro Arg Ser Arg	Arg Lys Ala			
12320	12325	12330				
tcc gcg	caa ctg aaa atg caa	atg gac agg tta tgc	aac gta ctg	124206		
Ser Ala	Gln Leu Lys Met Gln	Met Asp Arg Leu Cys	Asn Val Leu			
12335	12340	12345				
ggt gta	gta ctc cag atg gcg	acg ttg gct ttg gtg	aca tat ata	124251		
Gly Val	Val Leu Gln Met Ala	Thr Leu Ala Leu Val	Thr Tyr Ile			
12350	12355	12360				
gct ttt	gtt gtg cat aca cgc	gcg aca agc tgc aag	cga gaa taa	124296		
Ala Phe	Val Val His Thr Arg	Ala Thr Ser Cys Lys	Arg Glu			
12365	12370	12375				
ataccttccc cttccggaca gtagtttcat gtagttgagt tgggaggttc ctcgggaaaa 124356						
acggcaacaa tggcgaccac gacagcagta aggggtgagaa taccaaaaag aattaaaaaa 124416						
gccggtacac agcatttgcg aattcttaga aaagccagct gaagtctgtg gattccatca 124476						
taagcgcagt ctaggcaatc gtaagactgt tgggtggtgc cattctccac gtgaggaaaa 124536						
agaggcgggg agaacaccag actctcgcgg cttctgtaag gggggggcgc gtctgccacg 124596						
gcctcggcgt atgtgggtag gtaggggatg ggggtcgcaa cgtcatccat gctgggggac 124656						
gacgtgaggg tgaccggcgg ggtcccaggt cggcgggagt agtgcacggt cgccatccga 124716						
gcagtaaacg aggggtggac gcaaaaggcg cgggttttgt taaaggctgg cggggggggg 124776						
tttcccgga aaaaatccca tccccccga tggtcgcccc gcaaacgcgc ggggaggtgg 124836						
ggtcgctttt ttttttctct ctcgaggggg ccgcgagagg gctggcct 124884						

<210> 52

<211> 278

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 52

Met Phe Cys Thr Ser Pro Ala Thr Arg Gly Asp Ser Ser Glu Ser Lys
 1 5 10 15

Pro Gly Ala Ser Val Asp Val Asn Gly Lys Met Glu Tyr Gly Ser Ala
 20 25 30

Pro Gly Pro Leu Asn Gly Arg Asp Thr Ser Arg Gly Pro Gly Ala Phe
 35 40 45

Cys Thr Pro Gly Trp Glu Ile His Pro Ala Arg Leu Val Glu Asp Ile
 50 55 60

Asn Arg Val Phe Leu Cys Ile Ala Gln Ser Ser Gly Arg Val Thr Arg
 65 70 75 80

Asp Ser Arg Arg Leu Arg Arg Ile Cys Leu Asp Phe Tyr Leu Met Gly
 85 90 95

Arg Thr Arg Gln Arg Pro Thr Leu Ala Cys Trp Glu Glu Leu Leu Gln
 100 105 110

Leu Gln Pro Thr Gln Thr Gln Cys Leu Arg Ala Thr Leu Met Glu Val
 115 120 125

Ser His Arg Pro Pro Arg Gly Glu Asp Gly Phe Ile Glu Ala Pro Asn
 130 135 140

Val Pro Leu His Arg Ser Ala Leu Glu Cys Asp Val Ser Asp Asp Gly
 145 150 155 160

Gly Glu Asp Asp Ser Asp Asp Asp Gly Ser Thr Pro Ser Asp Val Ile
 165 170 175

Glu Phe Arg Asp Ser Asp Ala Glu Ser Ser Asp Gly Glu Asp Phe Ile

180

185

190

Val Glu Glu Glu Ser Glu Glu Ser Thr Asp Ser Cys Glu Pro Asp Gly
 195 200 205

Val Pro Gly Asp Cys Tyr Arg Asp Gly Asp Gly Cys Asn Thr Pro Ser
 210 215 220

Pro Lys Arg Pro Gln Arg Ala Ile Glu Arg Tyr Ala Gly Ala Glu Thr
 225 230 235 240

Ala Glu Tyr Thr Ala Ala Lys Ala Leu Thr Ala Leu Gly Glu Gly Gly
 245 250 255

Val Asp Trp Lys Arg Arg Arg His Glu Ala Pro Arg Arg His Asp Ile
 260 265 270

Pro Pro Pro His Gly Val
 275

<210> 53
 <211> 180
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 53

Met Asn Leu Cys Gly Ser Arg Gly Glu His Pro Gly Gly Glu Tyr Ala
 1 5 10 15

Gly Leu Tyr Cys Thr Arg His Asp Thr Pro Ala His Gln Ala Leu Met
 20 25 30

Asn Asp Ala Glu Arg Tyr Phe Ala Ala Ala Leu Cys Ala Ile Ser Thr
 35 40 45

Glu Ala Tyr Glu Ala Phe Ile His Ser Pro Ser Glu Arg Pro Cys Ala
 50 55 60

Ser Leu Trp Gly Arg Ala Lys Asp Ala Phe Gly Arg Met Cys Gly Glu
65 70 75 80

Leu Ala Ala Asp Arg Gln Arg Pro Pro Ser Val Pro Pro Ile Arg Arg
85 90 95

Ala Val Leu Ser Leu Leu Arg Glu Gln Cys Met Pro Asp Pro Gln Ser
100 105 110

His Leu Glu Leu Ser Glu Arg Leu Ile Leu Met Ala Tyr Trp Cys Cys
115 120 125

Leu Gly His Ala Gly Leu Pro Thr Ile Gly Leu Ser Pro Asp Asn Lys
130 135 140

Cys Ile Arg Ala Glu Leu Tyr Asp Arg Pro Gly Gly Ile Cys His Arg
145 150 155 160

Leu Phe Asp Ala Tyr Leu Gly Cys Gly Ser Leu Gly Val Pro Arg Thr
165 170 175

Tyr Glu Arg Ser
180

<210> 54
<211> 102
<212> PRT
<213> Varicella zoster

<400> 54

Met Ala Gly Gln Asn Thr Met Glu Gly Glu Ala Val Ala Leu Leu Met
1 5 10 15

Glu Ala Val Val Thr Pro Arg Ala Gln Pro Asn Asn Thr Thr Ile Thr
20 25 30

Ala Ile Gln Pro Ser Arg Ser Ala Glu Lys Cys Tyr Tyr Ser Asp Ser
35 40 45

Glu Asn Glu Thr Ala Asp Glu Phe Leu Arg Arg Ile Gly Lys Tyr Gln
50 55 60

His Lys Ile Tyr His Arg Lys Lys Phe Cys Tyr Ile Thr Leu Ile Ile
65 70 75 80

Val Phe Val Phe Ala Met Thr Gly Ala Ala Phe Ala Leu Gly Tyr Ile
85 90 95

Thr Ser Gln Phe Val Gly
100

<210> 55

<211> 1310

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 55

Met Asp Thr Pro Pro Met Gln Arg Ser Thr Pro Gln Arg Ala Gly Ser
1 5 10 15

Pro Asp Thr Leu Glu Leu Met Asp Leu Leu Asp Ala Ala Ala Ala Ala
20 25 30

Ala Glu His Arg Ala Arg Val Val Thr Ser Ser Gln Pro Asp Asp Leu
35 40 45

Leu Phe Gly Glu Asn Gly Val Met Val Gly Arg Glu His Glu Ile Val
50 55 60

Ser Ile Pro Ser Val Ser Gly Leu Gln Pro Glu Pro Arg Thr Glu Asp
65 70 75 80

Val Gly Glu Glu Leu Thr Gln Asp Asp Tyr Val Cys Glu Asp Gly Gln
85 90 95

Asp Leu Met Gly Ser Pro Val Ile Pro Leu Ala Glu Val Phe His Thr
100 105 110

Arg Phe Ser Glu Ala Gly Ala Arg Glu Pro Thr Gly Ala Asp Arg Ser
115 120 125

Leu Glu Thr Val Ser Leu Gly Thr Lys Leu Ala Arg Ser Pro Lys Pro
130 135 140

Pro Met Asn Asp Gly Glu Thr Gly Arg Gly Thr Thr Pro Pro Phe Pro
145 150 155 160

Gln Ala Phe Ser Pro Val Ser Pro Ala Ser Pro Val Gly Asp Ala Ala
165 170 175

Gly Asn Asp Gln Arg Glu Asp Gln Arg Ser Ile Pro Arg Gln Thr Thr
180 185 190

Arg Gly Asn Ser Pro Gly Leu Pro Ser Val Val His Arg Asp Arg Gln
195 200 205

Thr Gln Ser Ile Ser Gly Lys Lys Pro Gly Asp Glu Gln Ala Gly His
210 215 220

Ala His Ala Ser Gly Asp Gly Val Val Leu Gln Lys Thr Gln Arg Pro
225 230 235 240

Ala Gln Gly Lys Ser Pro Lys Lys Lys Thr Leu Lys Val Lys Val Pro
245 250 255

Leu Pro Ala Arg Lys Pro Gly Gly Pro Val Pro Gly Pro Val Glu Gln
260 265 270

Leu Tyr His Val Leu Ser Asp Ser Val Pro Ala Lys Gly Ala Lys Ala
275 280 285

Asp Leu Pro Phe Glu Thr Asp Asp Thr Arg Pro Arg Lys His Asp Ala
290 295 300

Arg Gly Ile Thr Pro Arg Val Pro Gly Arg Ser Ser Gly Gly Lys Pro
305 310 315 320

Arg Ala Phe Leu Ala Leu Pro Gly Arg Ser His Ala Pro Asp Pro Ile
325 330 335

Glu Asp Asp Ser Pro Val Glu Lys Lys Pro Lys Ser Arg Glu Phe Val
340 345 350

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Trp Gly Ser Ser Ser Glu Asp Glu
355 360 365

Asp Asp Glu Pro Arg Arg Val Ser Val Gly Ser Glu Thr Thr Gly Ser
370 375 380

Arg Ser Gly Arg Glu His Ala Pro Ser Pro Ser Asn Ser Asp Asp Ser
385 390 395 400

Asp Ser Asn Asp Gly Gly Ser Thr Lys Gln Asn Ile Gln Pro Gly Tyr
405 410 415

Arg Ser Ile Ser Gly Pro Asp Pro Arg Ile Arg Lys Thr Lys Arg Leu
420 425 430

Ala Gly Glu Pro Gly Arg Gln Arg Gln Lys Ser Phe Ser Leu Pro Arg
435 440 445

Ser Arg Thr Pro Ile Ile Pro Pro Val Ser Gly Pro Leu Met Met Pro
450 455 460

Asp Gly Ser Pro Trp Pro Gly Ser Ala Pro Leu Pro Ser Asn Arg Val
465 470 475 480

Arg Phe Gly Pro Ser Gly Glu Thr Arg Glu Gly His Trp Glu Asp Glu
485 490 495

Ala Val Arg Ala Ala Arg Ala Arg Tyr Glu Ala Ser Thr Glu Pro Val
500 505 510

Pro Leu Tyr Val Pro Glu Leu Gly Asp Pro Ala Arg Gln Tyr Arg Ala
515 520 525

Leu Ile Asn Leu Ile Tyr Cys Pro Asp Arg Asp Pro Ile Ala Trp Leu
530 535 540

Gln Asn Pro Lys Leu Thr Gly Val Asn Ser Ala Leu Asn Gln Phe Tyr
545 550 555 560

Gln Lys Leu Leu Pro Pro Gly Arg Ala Gly Thr Ala Val Thr Gly Ser
565 570 575

Val Ala Ser Pro Val Pro His Val Gly Glu Ala Met Ala Thr Gly Glu
580 585 590

Ala Leu Trp Ala Leu Pro His Ala Ala Ala Ala Val Ala Met Ser Arg
595 600 605

Arg Tyr Asp Arg Ala Gln Lys His Phe Ile Leu Gln Ser Leu Arg Arg
610 615 620

Ala Phe Ala Ser Met Ala Tyr Pro Glu Ala Thr Gly Ser Ser Pro Ala
625 630 635 640

Ala Arg Ile Ser Arg Gly His Pro Ser Pro Thr Thr Pro Ala Thr Gln
645 650 655

Ala Pro Asp Pro Gln Pro Ser Ala Ala Ala Arg Ser Leu Ser Val Cys
660 665 670

Pro Pro Asp Asp Arg Leu Arg Thr Pro Arg Lys Arg Lys Ser Gln Pro
675 680 685

Val Glu Ser Arg Ser Leu Leu Asp Lys Ile Arg Glu Thr Pro Val Ala
690 695 700

Asp Ala Arg Val Ala Asp Asp His Val Val Ser Lys Ala Lys Arg Arg
705 710 715 720

Val Ser Glu Pro Val Thr Ile Thr Ser Gly Pro Val Val Asp Pro Pro
725 730 735

Ala Val Ile Thr Met Pro Leu Asp Gly Pro Ala Pro Asn Gly Gly Phe
740 745 750

Arg Arg Ile Pro Arg Gly Ala Leu His Thr Pro Val Pro Ser Asp Gln
755 760 765

Ala Arg Lys Ala Tyr Cys Thr Pro Glu Thr Ile Ala Arg Leu Val Asp
770 775 780

Asp Pro Leu Phe Pro Thr Ala Trp Arg Pro Ala Leu Ser Phe Asp Pro
785 790 795 800

Gly Ala Leu Ala Glu Ile Ala Ala Arg Arg Pro Gly Gly Gly Asp Arg
805 810 815

Arg Phe Gly Pro Pro Ser Gly Val Glu Ala Leu Arg Arg Arg Cys Ala
820 825 830

Trp Met Arg Gln Ile Pro Asp Pro Glu Asp Val Arg Leu Leu Ile Ile
835 840 845

Tyr Asp Pro Leu Pro Gly Glu Asp Ile Asn Gly Pro Leu Glu Ser Thr
850 855 860

Leu Ala Thr Asp Pro Gly Pro Ser Trp Ser Pro Ser Arg Gly Gly Leu
865 870 875 880

Ser Val Val Leu Ala Ala Leu Ser Asn Arg Leu Cys Leu Pro Ser Thr
885 890 895

His Ala Trp Ala Gly Asn Trp Thr Gly Pro Pro Asp Val Ser Ala Leu
900 905 910

Asn Ala Arg Gly Val Leu Leu Leu Ser Thr Arg Asp Leu Ala Phe Ala
915 920 925

Gly Ala Val Glu Tyr Leu Gly Ser Arg Leu Ala Ser Ala Arg Arg Arg
930 935 940

Leu Leu Val Leu Asp Ala Val Ala Leu Glu Arg Trp Pro Arg Asp Gly
945 950 955 960

Pro Ala Leu Ser Gln Tyr His Val Tyr Val Arg Ala Pro Ala Arg Pro
965 970 975

Asp Ala Gln Ala Val Val Arg Trp Pro Asp Ser Ala Val Thr Glu Gly
980 985 990

Leu Ala Arg Ala Val Phe Ala Ser Ser Arg Thr Phe Gly Pro Ala Ser
995 1000 1005

Phe Ala Arg Ile Glu Thr Ala Phe Ala Asn Leu Tyr Pro Gly Glu
1010 1015 1020

Gln Pro Leu Cys Leu Cys Arg Gly Gly Asn Val Ala Tyr Thr Val
1025 1030 1035

Cys Thr Arg Ala Gly Pro Lys Thr Arg Val Pro Leu Ser Pro Arg
1040 1045 1050

Glu Tyr Arg Gln Tyr Val Leu Pro Gly Phe Asp Gly Cys Lys Asp
1055 1060 1065

Leu Ala Arg Gln Ser Arg Gly Leu Gly Leu Gly Ala Ala Asp Phe
1070 1075 1080

Val Asp Glu Ala Ala His Ser His Arg Ala Ala Asn Arg Trp Gly
1085 1090 1095

Leu Gly Ala Ala Leu Arg Pro Val Phe Leu Pro Glu Gly Arg Arg
1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ala Gly Pro Glu Ala Gly Asp Val Pro Thr Trp Ala
1115 1120 1125

Arg Val Phe Cys Arg His Ala Leu Leu Glu Pro Asp Pro Ala Ala
1130 1135 1140

Glu Pro Leu Val Leu Pro Pro Val Ala Gly Arg Ser Val Ala Leu
1145 1150 1155

Tyr Ala Ser Ala Asp Glu Ala Arg Asn Ala Leu Pro Pro Ile Pro
1160 1165 1170

Arg Val Met Trp Pro Pro Gly Phe Gly Ala Ala Glu Thr Val Leu
1175 1180 1185

Glu Gly Ser Asp Gly Thr Arg Phe Val Phe Gly His His Gly Gly
1190 1195 1200

Ser Glu Arg Pro Ser Glu Thr Gln Ala Gly Arg Gln Arg Arg Thr
1205 1210 1215

Ala Asp Asp Arg Glu His Ala Leu Glu Leu Asp Asp Trp Glu Val
1220 1225 1230

Gly Cys Glu Asp Ala Trp Asp Ser Glu Glu Gly Gly Gly Asp Asp
1235 1240 1245

Gly Asp Ala Pro Gly Ser Ser Phe Gly Val Ser Ile Val Ser Val
1250 1255 1260

Ala Pro Gly Val Leu Arg Asp Arg Arg Val Gly Leu Arg Pro Ala
1265 1270 1275

Val Lys Val Glu Leu Leu Ser Ser Ser Ser Ser Glu Asp Glu
1280 1285 1290

Asp Asp Val Trp Gly Gly Arg Gly Gly Arg Ser Pro Pro Gln Ser
 1295 1300 1305

Arg Gly
 1310

<210> 56
 <211> 467
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 56

Met Asp Thr Ile Leu Ala Gly Gly Ser Gly Thr Ser Asp Ala Ser Asp
 1 5 10 15

Asn Thr Cys Thr Ile Cys Met Ser Thr Val Ser Asp Leu Gly Lys Thr
 20 25 30

Met Pro Cys Leu His Asp Phe Cys Phe Val Cys Ile Arg Ala Trp Thr
 35 40 45

Ser Thr Ser Val Gln Cys Pro Leu Cys Arg Cys Pro Val Gln Ser Ile
 50 55 60

Leu His Lys Ile Val Ser Asp Thr Ser Tyr Lys Glu Tyr Glu Val His
 65 70 75 80

Pro Ser Asp Asp Asp Gly Phe Ser Glu Pro Ser Phe Glu Asp Ser Ile
 85 90 95

Asp Ile Leu Pro Gly Asp Val Ile Asp Leu Leu Pro Pro Ser Pro Gly
 100 105 110

Pro Ser Arg Glu Ser Ile Gln Gln Pro Thr Ser Arg Ser Ser Arg Glu
 115 120 125

Pro Ile Gln Ser Pro Asn Pro Gly Pro Leu Gln Ser Ser Ala Arg Glu

130

135

140

Pro Thr Ala Glu Ser Pro Ser Asp Ser Gln Gln Asp Ser Ile Gln Pro
145 150 155 160

Pro Thr Arg Asp Ser Ser Pro Gly Val Thr Lys Thr Cys Ser Thr Ala
165 170 175

Ser Phe Leu Arg Lys Val Phe Phe Lys Asp Gln Pro Ala Val Arg Ser
180 185 190

Ala Thr Pro Val Val Tyr Gly Ser Ile Glu Ser Ala Gln Gln Pro Arg
195 200 205

Thr Gly Gly Gln Asp Tyr Arg Asp Arg Pro Val Ser Val Gly Ile Asn
210 215 220

Gln Asp Pro Arg Thr Met Asp Arg Leu Pro Phe Arg Ala Thr Asp Arg
225 230 235 240

Gly Thr Glu Gly Asn Ala Arg Phe Pro Cys Tyr Met Gln Pro Leu Leu
245 250 255

Gly Trp Leu Asp Asp Gln Leu Ala Glu Leu Tyr Gln Pro Glu Ile Val
260 265 270

Glu Pro Thr Lys Met Leu Ile Leu Asn Tyr Ile Gly Ile Tyr Gly Arg
275 280 285

Asp Glu Ala Gly Leu Lys Thr Ser Leu Arg Cys Leu Leu His Asp Ser
290 295 300

Thr Gly Pro Phe Val Thr Asn Met Leu Phe Leu Leu Asp Arg Cys Thr
305 310 315 320

Asp Pro Thr Arg Leu Thr Met Gln Thr Trp Thr Trp Lys Asp Thr Ala
325 330 335

Ile Gln Leu Ile Thr Gly Pro Ile Val Arg Pro Glu Thr Thr Ser Thr
340 345 350

Gly Glu Thr Ser Arg Gly Asp Glu Arg Asp Thr Arg Leu Val Asn Thr
355 360 365

Pro Gln Lys Val Arg Leu Phe Ser Val Leu Pro Gly Ile Lys Pro Gly
370 375 380

Ser Ala Arg Gly Ala Lys Arg Arg Leu Phe His Thr Gly Arg Asp Val
385 390 395 400

Lys Arg Cys Leu Thr Ile Asp Leu Thr Ser Glu Ser Asp Ser Ala Cys
405 410 415

Lys Gly Ser Lys Thr Arg Lys Val Ala Ser Pro Gln Gly Glu Ser Asn
420 425 430

Thr Pro Ser Thr Ser Gly Ser Thr Ser Gly Ser Leu Lys His Leu Thr
435 440 445

Lys Lys Ser Ser Ala Gly Lys Ala Gly Lys Gly Ile Pro Asn Lys Met
450 455 460

Lys Lys Ser
465

<210> 57
<211> 305
<212> PRT
<213> Varicella zoster

<400> 57

Met Asp Val Ser Gly Glu Pro Thr Val Cys Ser Asn Ala Tyr Ala Asn
1 5 10 15

Glu Met Lys Leu Ser Asp Ser Lys Asp Ile Tyr Val Leu Ala His Pro
20 25 30

Val Thr Lys Lys Thr Arg Lys Arg Pro Arg Gly Leu Pro Leu Gly Val
35 40 45

Lys Leu Asp Pro Pro Thr Phe Lys Leu Asn Asn Met Ser His His Tyr
50 55 60

Asp Thr Glu Thr Phe Thr Pro Val Ser Ser Gln Leu Asp Ser Val Glu
65 70 75 80

Val Phe Ser Lys Phe Asn Ile Ser Pro Glu Trp Tyr Asp Leu Leu Ser
85 90 95

Asp Glu Leu Lys Glu Pro Tyr Ala Lys Gly Ile Phe Leu Glu Tyr Asn
100 105 110

Arg Leu Leu Asn Ser Gly Glu Glu Ile Leu Pro Ser Thr Gly Asp Ile
115 120 125

Phe Ala Trp Thr Arg Phe Cys Gly Pro Gln Ser Ile Arg Val Val Ile
130 135 140

Ile Gly Gln Asp Pro Tyr Pro Thr Ala Gly His Ala His Gly Leu Ala
145 150 155 160

Phe Ser Val Lys Arg Gly Ile Thr Pro Pro Ser Ser Leu Lys Asn Ile
165 170 175

Phe Ala Ala Leu Met Glu Ser Tyr Pro Asn Met Thr Pro Pro Thr His
180 185 190

Gly Cys Leu Glu Ser Trp Ala Arg Gln Gly Val Leu Leu Leu Asn Thr
195 200 205

Thr Leu Thr Val Arg Arg Gly Thr Pro Gly Ser His Val Tyr Leu Gly
210 215 220

Trp Gly Arg Leu Val Gln Arg Val Leu Gln Arg Leu Cys Glu Asn Arg
225 230 235 240

Thr Gly Leu Val Phe Met Leu Trp Gly Ala His Ala Gln Lys Thr Thr
245 250 255

Gln Pro Asn Ser Arg Cys His Leu Val Leu Thr His Ala His Pro Ser
260 265 270

Pro Leu Ser Arg Val Pro Phe Arg Asn Cys Arg His Phe Val Gln Ala
275 280 285

Asn Glu Tyr Phe Thr Arg Lys Gly Glu Pro Glu Ile Asp Trp Ser Val
290 295 300

Ile
305

<210> 58
<211> 71
<212> PRT
<213> Varicella zoster

<400> 58

Met Asp Val Arg Glu Arg Asn Val Phe Gly Asn Ala Ser Val Ala Thr
1 5 10 15

Pro Gly Glu His Gln Lys Phe Val Arg Glu Leu Ile Leu Ser Gly His
20 25 30

Asn Asn Val Val Leu Gln Thr Tyr Thr Gly Lys Trp Ser Asp Cys Arg
35 40 45

Lys His Gly Lys Ser Val Met Tyr Asn Thr Gly Glu Ala Arg His Pro
50 55 60

Thr Cys Lys Ala His Gln Arg
65 70

<210> 59
 <211> 331
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 59

Met Gln Arg Ile Arg Pro Tyr Trp Ile Lys Phe Glu Gln Thr Gly Gly
 1 5 10 15

Ala Gly Met Ala Asp Gly Met Ser Gly Ile Asn Ile Pro Ser Ile Leu
 20 25 30

Gly Cys Ser Val Thr Ile Asp Asn Leu Leu Thr Arg Ala Glu Glu Gly
 35 40 45

Leu Asp Val Ser Asp Val Ile Glu Asp Leu Arg Ile Gln Ala Ile Pro
 50 55 60

Arg Phe Val Cys Glu Ala Arg Glu Val Thr Gly Leu Lys Pro Arg Phe
 65 70 75 80

Leu Ala Asn Ser Val Val Ser Leu Arg Val Lys Pro Glu His Gln Glu
 85 90 95

Thr Val Leu Val Val Leu Asn Gly Asp Ser Ser Glu Val Ser Cys Asp
 100 105 110

Arg Tyr Tyr Met Glu Cys Val Thr Gln Pro Ala Phe Arg Gly Phe Ile
 115 120 125

Phe Ser Val Leu Thr Ala Val Glu Asp Arg Val Tyr Thr Val Gly Val
 130 135 140

Pro Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Arg Met Thr Leu Phe Arg Pro Asp Asn
 145 150 155 160

Val Leu Asp Phe Thr Leu Cys Val Ile Leu Met Tyr Leu Glu Gly Ile
 165 170 175

Gly Pro Ser Gly Ala Ser Pro Ser Leu Phe Val Gln Leu Ser Val Tyr
180 185 190

Leu Arg Arg Val Glu Cys Gln Ile Gly Pro Leu Glu Lys Met Arg Arg
195 200 205

Phe Leu Tyr Glu Gly Val Leu Trp Leu Leu Asn Thr Leu Met Tyr Val
210 215 220

Val Asp Asn Asn Pro Phe Thr Lys Thr Arg Val Leu Pro His Tyr Met
225 230 235 240

Phe Val Lys Leu Leu Asn Pro Gln Pro Gly Thr Ala Pro Asn Ile Ile
245 250 255

Lys Ala Ile Tyr Ser Cys Gly Val Gly Gln Arg Phe Asp Leu Pro His
260 265 270

Gly Thr Pro Pro Cys Pro Asp Gly Val Val Gln Val Pro Pro Gly Leu
275 280 285

Leu Asn Gly Pro Leu Arg Asp Ser Glu Tyr Gln Lys Ser Val Tyr Phe
290 295 300

Trp Trp Leu Asn Arg Thr Met Val Thr Pro Lys Asn Val Gln Leu Phe
305 310 315 320

Glu Thr Tyr Lys Asn Ser Pro Arg Val Val Lys
325 330

<210> 60

<211> 541

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 60

Met Glu Phe Pro Tyr His Ser Thr Val Ser Tyr Asn Gly Val Thr Phe

Ser Ile Ile Val Ser Arg Arg Ala Ala Asp Val Val Thr Glu Asp Val
210 215 220

Lys Ala Asp Asp Val Pro Ile Ser Gly Glu Pro Tyr Ser Glu Lys Gln
225 230 235 240

Pro Arg Arg Arg Lys Lys Ser Asp His Ile Thr Leu Ser Asn Phe Val
245 250 255

Gln Ile Arg Thr Ile Pro Arg Val Met Asp Ile Trp Asp Pro Arg His
260 265 270

Lys Ala Thr Thr His Cys Ile Arg Ala Leu Ser Cys Ala Val Phe Phe
275 280 285

Ala Asp Glu Val Ile Phe Lys Ala Arg Lys Trp Pro Gly Leu Glu Asp
290 295 300

Glu Leu Asn Glu Ala Arg Glu Thr Ile Tyr Thr Ala Val Val Ala Val
305 310 315 320

Tyr Gly Glu Arg Gly Glu Leu Pro Phe Phe Gly His Ala Tyr Gly Arg
325 330 335

Asp Leu Thr Ser Cys Gln Arg Phe Val Ile Val Gln Tyr Ile Leu Ser
340 345 350

Arg Trp Glu Ala Phe Asn Cys Tyr Ala Val Ile Glu Asp Leu Thr Arg
355 360 365

Ser Tyr Val Asn Ala Leu Pro Ser Asp Asp Asp Thr Asp Gln Val Ala
370 375 380

Gln Asp Leu Ile Arg Thr Ile Val Asp Thr Ala Asn Ser Leu Leu Arg
385 390 395 400

Glu Val Gly Phe Ile Gly Thr Leu Ala Glu Thr Leu Leu Phe Leu Pro

405

410

415

Leu Pro Gln Leu Pro Cys Tyr Lys Glu Thr Ser His Leu Ala Lys Lys
 420 425 430

Glu Gly Val Arg Ile Leu Arg Leu Ala Lys Thr Gly Val Gly Leu Ser
 435 440 445

Asp Thr Val Pro Val Asp Val Ser Val Thr Glu Arg His Glu Tyr Glu
 450 455 460

Ile Ser Arg Tyr Leu Asp Thr Leu Tyr Ser Gly Asp Pro Cys Tyr Asn
 465 470 475 480

Gly Ala Val Arg Leu Cys Arg Leu Leu Gly Ser Ser Ile Pro Ile Ala
 485 490 495

Leu Tyr Tyr Asn Thr Ile Ser Gly Asn Ala Phe Glu Pro Tyr Phe Ala
 500 505 510

Gly Arg Arg Tyr Ile Ala Tyr Leu Gly Ala Leu Phe Phe Gly Arg Val
 515 520 525

His Gln Thr Pro Phe Gly Asp Gly Lys Lys Thr Gln Arg
 530 535 540

<210> 61

<211> 258

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 61

Met Ser Ala Ser Arg Ile Arg Ala Lys Cys Phe Arg Leu Gly Gln Arg
 1 5 10 15

Cys His Thr Arg Phe Tyr Asp Val Leu Lys Lys Asp Ile Asp Asn Val
 20 25 30

Arg Arg Gly Phe Ala Asp Ala Phe Asn Pro Arg Leu Ala Lys Leu Leu
35 40 45

Ser Pro Leu Ser His Val Asp Val Gln Arg Ala Val Arg Ile Ser Met
50 55 60

Ser Phe Glu Val Asn Leu Gly Arg Arg Arg Pro Asp Cys Val Cys Ile
65 70 75 80

Ile Gln Thr Glu Ser Ser Gly Ala Gly Lys Thr Val Cys Phe Ile Val
85 90 95

Glu Leu Lys Ser Cys Arg Phe Ser Ala Asn Ile His Thr Pro Thr Lys
100 105 110

Tyr His Gln Phe Cys Glu Gly Met Arg Gln Leu Arg Asp Thr Met Ala
115 120 125

Leu Ile Lys Glu Thr Thr Pro Thr Gly Ser Asp Glu Ile Met Val Thr
130 135 140

Pro Leu Leu Val Phe Val Ser Gln Arg Gly Leu Asn Leu Leu Gln Val
145 150 155 160

Thr Arg Leu Pro Pro Lys Val Ile His Gly Asn Leu Val Met Leu Ala
165 170 175

Ser His Leu Glu Asn Val Ala Glu Tyr Thr Pro Pro Ile Arg Ser Val
180 185 190

Arg Glu Arg Arg Arg Leu Cys Lys Lys Lys Ile His Val Cys Ser Leu
195 200 205

Ala Lys Lys Arg Ala Lys Ser Cys His Arg Ser Ala Leu Thr Lys Phe
210 215 220

Glu Glu Asn Ala Ala Cys Gly Val Asp Leu Pro Leu Arg Arg Pro Ser
225 230 235 240

Leu Gly Ala Cys Gly Gly Ile Leu Gln Ser Ile Thr Gly Met Phe Ser
 245 250 255

His Gly

<210> 62
 <211> 579
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 62

Met Thr Ala Arg Tyr Gly Phe Gly Ser Ile Ser Phe Pro Asn Lys Cys
 1 5 10 15

Gly Ile Phe Leu Ser Thr Thr Lys Asn Phe Ile Ala Pro Asn Phe Pro
 20 25 30

Ile His Tyr Trp Thr Ala Pro Ala Phe Glu Leu Arg Gly Arg Met Asn
 35 40 45

Pro Asp Leu Glu Lys Asn Thr Leu Thr Leu Lys Asn Ala Ala Ala Val
 50 55 60

Ala Ala Leu Asp Asn Leu Arg Gly Glu Thr Ile Thr Leu Pro Thr Glu
 65 70 75 80

Ile Asp Arg Arg Leu Lys Pro Leu Glu Glu Gln Leu Thr Arg Met Ala
 85 90 95

Lys Val Leu Asp Ser Leu Glu Thr Ala Ala Ala Glu Ala Glu Glu Ala
 100 105 110

Asp Ala Gln Ser Glu Glu Cys Thr Arg Thr Glu Ile Ile Arg Asn Glu
 115 120 125

Ser Ile His Pro Glu Val Gln Ile Ala Lys Asn Asp Ala Pro Leu Gln

130

135

140

Tyr Asp Thr Asn Phe Gln Val Asp Phe Ile Thr Leu Val Tyr Leu Gly
 145 150 155 160

Arg Ala Arg Gly Asn Asn Ser Pro Gly Ile Val Phe Gly Pro Trp Tyr
 165 170 175

Arg Thr Leu Gln Glu Arg Leu Val Leu Asp Arg Pro Val Ala Ala Arg
 180 185 190

Gly Val Asp Cys Lys Asp Gly Arg Ile Ser Arg Thr Phe Met Asn Thr
 195 200 205

Thr Val Thr Cys Leu Gln Ser Ala Gly Arg Met Tyr Val Gly Asp Arg
 210 215 220

Ala Tyr Ser Ala Phe Glu Cys Ala Val Leu Cys Leu Tyr Leu Met Tyr
 225 230 235 240

Arg Thr Ser Asn Ser Val His Glu Pro Gln Val Ser Ser Phe Gly Asn
 245 250 255

Leu Ile Glu His Leu Pro Glu Tyr Thr Glu Thr Phe Val Asn Tyr Met
 260 265 270

Thr Thr His Glu Asn Lys Asn Ser Tyr Gln Phe Cys Tyr Asp Arg Leu
 275 280 285

Pro Arg Asp Gln Phe His Ala Arg Gly Gly Arg Tyr Asp Gln Gly Ala
 290 295 300

Leu Thr Ser His Ser Val Met Asp Ala Leu Ile Arg Leu Gln Val Leu
 305 310 315 320

Pro Pro Ala Pro Gly Gln Phe Asn Pro Gly Val Asn Asp Ile Ile Asp
 325 330 335

Arg Asn His Thr Ala Tyr Val Asp Lys Ile Gln Gln Ala Ala Ala Ala
340 345 350

Tyr Leu Glu Arg Ala Gln Asn Val Phe Leu Met Glu Asp Gln Thr Leu
355 360 365

Leu Arg Leu Thr Ile Asp Thr Ile Thr Ala Leu Leu Leu Arg Arg
370 375 380

Leu Leu Trp Asn Gly Asn Val Tyr Gly Asp Lys Leu Lys Asn Asn Phe
385 390 395 400

Gln Leu Gly Leu Ile Val Ser Glu Ala Thr Gly Thr Pro Thr Asn Asn
405 410 415

Val Ile Leu Arg Gly Ala Thr Gly Phe Asp Gly Lys Phe Lys Ser Gly
420 425 430

Asn Asn Asn Phe Gln Phe Leu Cys Glu Arg Tyr Ile Ala Pro Leu Tyr
435 440 445

Thr Leu Asn Arg Thr Thr Glu Leu Thr Glu Met Phe Pro Gly Leu Val
450 455 460

Ala Leu Cys Leu Asp Ala His Thr Gln Leu Ser Arg Gly Ser Leu Gly
465 470 475 480

Arg Thr Val Ile Asp Ile Ser Ser Gly Gln Tyr Gln Asp Arg Leu Ile
485 490 495

Ser Leu Ile Ala Leu Glu Leu Glu His Arg Arg Gln Asn Val Thr Ser
500 505 510

Leu Pro Ile Ala Ala Val Val Ser Ile His Asp Ser Val Met Leu Gln
515 520 525

Tyr Glu Arg Gly Leu Gly Met Leu Met His Gln Pro Arg Val Arg Ala

530

535

540

Ala Leu Glu Glu Ser Arg Arg Leu Ala Gln Phe Asn Val Asn Ser Asp
 545 550 555 560

Tyr Asp Leu Leu Tyr Phe Val Cys Leu Gly Val Ile Pro Gln Phe Ala
 565 570 575

Ser Thr Pro

<210> 63
 <211> 605
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 63

Met Ala Ala Glu Ala Asp Glu Glu Asn Cys Glu Ala Leu Tyr Val Ala
 1 5 10 15

Gly Tyr Leu Ala Leu Tyr Ser Lys Asp Glu Gly Glu Leu Asn Ile Thr
 20 25 30

Pro Glu Ile Val Arg Ser Ala Leu Pro Pro Thr Ser Lys Ile Pro Ile
 35 40 45

Asn Ile Asp His Arg Lys Asp Cys Val Val Gly Glu Val Ile Ala Ile
 50 55 60

Ile Glu Asp Ile Arg Gly Pro Phe Phe Leu Gly Ile Val Arg Cys Pro
 65 70 75 80

Gln Leu His Ala Val Leu Phe Glu Ala Ala His Ser Asn Phe Phe Gly
 85 90 95

Asn Arg Asp Ser Val Leu Ser Pro Leu Glu Arg Ala Leu Tyr Leu Val
 100 105 110

Thr Asn Tyr Leu Pro Ser Val Ser Leu Ser Ser Lys Arg Leu Ser Pro
 115 120 125

Asn Glu Ile Pro Asp Gly Asn Phe Phe Thr His Val Ala Leu Cys Val
 130 135 140

Val Gly Arg Arg Val Gly Thr Val Val Asn Tyr Asp Cys Thr Pro Glu
 145 150 155 160

Ser Ser Ile Glu Pro Phe Arg Val Leu Ser Met Glu Ser Lys Ala Arg
 165 170 175

Leu Leu Ser Leu Val Lys Asp Tyr Ala Gly Leu Asn Lys Val Trp Lys
 180 185 190

Val Ser Glu Asp Lys Leu Ala Lys Val Leu Leu Ser Thr Ala Val Asn
 195 200 205

Asn Met Leu Leu Arg Asp Arg Trp Asp Val Val Ala Lys Arg Arg Arg
 210 215 220

Glu Ala Gly Ile Met Gly His Val Tyr Leu Gln Ala Ser Thr Gly Tyr
 225 230 235 240

Gly Leu Ala Arg Ile Thr Asn Val Asn Gly Val Glu Ser Lys Leu Pro
 245 250 255

Asn Ala Gly Val Ile Asn Ala Thr Phe His Pro Gly Gly Pro Ile Tyr
 260 265 270

Asp Leu Ala Leu Gly Val Gly Glu Ser Asn Glu Asp Cys Glu Lys Thr
 275 280 285

Val Pro His Leu Lys Val Thr Gln Leu Cys Arg Asn Asp Ser Asp Met
 290 295 300

Ala Ser Val Ala Gly Asn Ala Ser Asn Ile Ser Pro Gln Pro Pro Ser
 305 310 315 320

Gly Val Pro Thr Gly Gly Glu Phe Val Leu Ile Pro Thr Ala Tyr Tyr
325 330 335

Ser Gln Leu Leu Thr Gly Gln Thr Lys Asn Pro Gln Val Ser Ile Gly
340 345 350

Ala Pro Asn Asn Gly Gln Tyr Ile Val Gly Pro Tyr Gly Ser Pro His
355 360 365

Pro Pro Ala Phe Pro Pro Asn Thr Gly Gly Tyr Gly Cys Pro Pro Gly
370 375 380

His Phe Gly Gly Pro Tyr Gly Phe Pro Gly Tyr Pro Pro Pro Asn Arg
385 390 395 400

Leu Glu Met Gln Met Ser Ala Phe Met Asn Ala Leu Ala Ala Glu Arg
405 410 415

Gly Ile Asp Leu Gln Thr Pro Cys Val Asn Phe Pro Asp Lys Thr Asp
420 425 430

Val Arg Arg Pro Gly Lys Arg Asp Phe Lys Ser Met Asp Gln Arg Glu
435 440 445

Leu Asp Ser Phe Tyr Ser Gly Glu Ser Gln Met Asp Gly Glu Phe Pro
450 455 460

Ser Asn Ile Tyr Phe Pro Gly Glu Pro Thr Tyr Ile Thr His Arg Arg
465 470 475 480

Arg Arg Val Ser Pro Ser Tyr Trp Gln Arg Arg His Arg Val Ser Asn
485 490 495

Gly Gln His Glu Glu Leu Ala Gly Val Val Ala Lys Leu Gln Gln Glu
500 505 510

Val Thr Glu Leu Lys Ser Gln Asn Gly Thr Gln Met Pro Leu Ser His
 515 520 525

His Thr Asn Ile Pro Glu Gly Thr Arg Asp Pro Arg Ile Ser Ile Leu
 530 535 540

Leu Lys Gln Leu Gln Ser Val Ser Gly Leu Cys Ser Ser Gln Asn Thr
 545 550 555 560

Thr Ser Thr Pro His Thr Asp Thr Val Gly Gln Asp Val Asn Ala Val
 565 570 575

Glu Ala Ser Ser Lys Ala Pro Leu Ile Gln Gly Ser Thr Ala Asp Asp
 580 585 590

Ala Asp Met Phe Ala Asn Gln Met Met Val Gly Arg Cys
 595 600 605

<210> 64
 <211> 1194
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 64

Met Ala Ile Arg Thr Gly Phe Cys Asn Pro Phe Leu Thr Gln Ala Ser
 1 5 10 15

Gly Ile Lys Tyr Asn Pro Arg Thr Gly Arg Gly Ser Asn Arg Glu Phe
 20 25 30

Leu His Ser Tyr Lys Thr Thr Met Ser Ser Phe Gln Phe Leu Ala Pro
 35 40 45

Lys Cys Leu Asp Glu Asp Val Pro Met Glu Glu Arg Lys Gly Val His
 50 55 60

Val Gly Thr Leu Ser Arg Pro Pro Lys Val Tyr Cys Asn Gly Lys Glu
 65 70 75 80

Val Pro Ile Leu Asp Phe Arg Cys Ser Ser Pro Trp Pro Arg Arg Val
85 90 95

Asn Ile Trp Gly Glu Ile Asp Phe Arg Gly Asp Lys Phe Asp Pro Arg
100 105 110

Phe Asn Thr Phe His Val Tyr Asp Ile Val Glu Thr Thr Glu Ala Ala
115 120 125

Ser Asn Gly Asp Val Ser Arg Phe Ala Thr Ala Thr Arg Pro Leu Gly
130 135 140

Thr Val Ile Thr Leu Leu Gly Met Ser Arg Cys Gly Lys Arg Val Ala
145 150 155 160

Val His Val Tyr Gly Ile Cys Gln Tyr Phe Tyr Ile Asn Lys Ala Glu
165 170 175

Val Asp Thr Ala Cys Gly Ile Arg Ser Gly Ser Glu Leu Ser Val Leu
180 185 190

Leu Ala Glu Cys Leu Arg Ser Ser Met Ile Thr Gln Asn Asp Ala Thr
195 200 205

Leu Asn Gly Asp Lys Asn Ala Phe His Gly Thr Ser Phe Lys Ser Ala
210 215 220

Ser Pro Glu Ser Phe Arg Val Glu Val Ile Glu Arg Thr Asp Val Tyr
225 230 235 240

Tyr Tyr Asp Thr Gln Pro Cys Ala Phe Tyr Arg Val Tyr Ser Pro Ser
245 250 255

Ser Lys Phe Thr Asn Tyr Leu Cys Asp Asn Phe His Pro Glu Leu Lys
260 265 270

Lys Tyr Glu Gly Arg Val Asp Ala Thr Thr Arg Phe Leu Met Asp Asn

275

280

285

Pro Gly Phe Val Ser Phe Gly Trp Tyr Gln Leu Lys Pro Gly Val Asp
290 295 300

Gly Glu Arg Val Arg Val Arg Pro Ala Ser Arg Gln Leu Thr Leu Ser
305 310 315 320

Asp Val Glu Ile Asp Cys Met Ser Asp Asn Leu Gln Ala Ile Pro Asn
325 330 335

Asp Asp Ser Trp Pro Asp Tyr Lys Leu Leu Cys Phe Asp Ile Glu Cys
340 345 350

Lys Ser Gly Gly Ser Asn Glu Leu Ala Phe Pro Asp Ala Thr His Leu
355 360 365

Glu Asp Leu Val Ile Gln Ile Ser Cys Leu Leu Tyr Ser Ile Pro Arg
370 375 380

Gln Ser Leu Glu His Ile Leu Leu Phe Ser Leu Gly Ser Cys Asp Leu
385 390 395 400

Pro Gln Arg Tyr Val Gln Glu Met Lys Asp Ala Gly Leu Pro Glu Pro
405 410 415

Thr Val Leu Glu Phe Asp Ser Glu Phe Glu Leu Leu Ile Ala Phe Met
420 425 430

Thr Leu Val Lys Gln Tyr Ala Pro Glu Phe Ala Thr Gly Tyr Asn Ile
435 440 445

Val Asn Phe Asp Trp Ala Phe Ile Met Glu Lys Leu Asn Ser Ile Tyr
450 455 460

Ser Leu Lys Leu Asp Gly Tyr Gly Ser Ile Asn Arg Gly Gly Leu Phe
465 470 475 480

Lys Ile Trp Asp Val Gly Lys Ser Gly Phe Gln Arg Arg Ser Lys Val
 485 490 495

Lys Ile Asn Gly Leu Ile Ser Leu Asp Met Tyr Ala Ile Ala Thr Glu
 500 505 510

Lys Leu Lys Leu Ser Ser Tyr Lys Leu Asp Ser Val Ala Arg Glu Ala
 515 520 525

Leu Asn Glu Ser Lys Arg Asp Leu Pro Tyr Lys Asp Ile Pro Gly Tyr
 530 535 540

Tyr Ala Ser Gly Pro Asn Thr Arg Gly Ile Ile Gly Glu Tyr Cys Ile
 545 550 555 560

Gln Asp Ser Ala Leu Val Gly Lys Leu Phe Phe Lys Tyr Leu Pro His
 565 570 575

Leu Glu Leu Ser Ala Val Ala Arg Leu Ala Arg Ile Thr Leu Thr Lys
 580 585 590

Ala Ile Tyr Asp Gly Gln Gln Val Arg Ile Tyr Thr Cys Leu Leu Gly
 595 600 605

Leu Ala Ser Ser Arg Gly Phe Ile Leu Pro Asp Gly Gly Tyr Pro Ala
 610 615 620

Thr Phe Glu Tyr Lys Asp Val Ile Pro Asp Val Gly Asp Val Glu Glu
 625 630 635 640

Glu Met Asp Glu Asp Glu Ser Val Ser Pro Thr Gly Thr Ser Ser Gly
 645 650 655

Arg Asn Val Gly Tyr Lys Gly Ala Arg Val Phe Asp Pro Asp Thr Gly
 660 665 670

Phe Tyr Ile Asp Pro Val Val Val Leu Asp Phe Ala Ser Leu Tyr Pro

675

680

685

Ser Ile Ile Gln Ala His Asn Leu Cys Phe Thr Thr Leu Thr Leu Asn
690 695 700

Phe Glu Thr Val Lys Arg Leu Asn Pro Ser Asp Tyr Ala Thr Phe Thr
705 710 715 720

Val Gly Gly Lys Arg Leu Phe Phe Val Arg Ser Asn Val Arg Glu Ser
725 730 735

Leu Leu Gly Val Leu Leu Lys Asp Trp Leu Ala Met Arg Lys Ala Ile
740 745 750

Arg Ala Arg Ile Pro Gly Ser Ser Ser Asp Glu Ala Val Leu Leu Asp
755 760 765

Lys Gln Gln Ala Ala Ile Lys Val Val Cys Asn Ser Val Tyr Gly Phe
770 775 780

Thr Gly Val Ala Gln Gly Phe Leu Pro Cys Leu Tyr Val Ala Ala Thr
785 790 795 800

Val Thr Thr Ile Gly Arg Gln Met Leu Leu Ser Thr Arg Asp Tyr Ile
805 810 815

His Asn Asn Trp Ala Ala Phe Glu Arg Phe Ile Thr Ala Phe Pro Asp
820 825 830

Ile Glu Ser Ser Val Leu Ser Gln Lys Ala Tyr Glu Val Lys Val Ile
835 840 845

Tyr Gly Asp Thr Asp Ser Val Phe Ile Arg Phe Lys Gly Val Ser Val
850 855 860

Glu Gly Ile Ala Lys Ile Gly Glu Lys Met Ala His Ile Ile Ser Thr
865 870 875 880

Ala Leu Phe Cys Pro Pro Ile Lys Leu Glu Cys Glu Lys Thr Phe Ile
885 890 895

Lys Leu Leu Leu Ile Thr Lys Lys Lys Tyr Ile Gly Val Ile Tyr Gly
900 905 910

Gly Lys Val Leu Met Lys Gly Val Asp Leu Val Arg Lys Asn Asn Cys
915 920 925

Gln Phe Ile Asn Asp Tyr Ala Arg Lys Leu Val Glu Leu Leu Leu Tyr
930 935 940

Asp Asp Thr Val Ser Arg Ala Ala Ala Glu Ala Ser Cys Val Ser Ile
945 950 955 960

Ala Glu Trp Asn Arg Arg Ala Met Pro Ser Gly Met Ala Gly Phe Gly
965 970 975

Arg Ile Ile Ala Asp Ala His Arg Gln Ile Thr Ser Pro Lys Leu Asp
980 985 990

Ile Asn Lys Phe Val Met Thr Ala Glu Leu Ser Arg Pro Pro Ser Ala
995 1000 1005

Tyr Ile Asn Arg Arg Leu Ala His Leu Thr Val Tyr Tyr Lys Leu
1010 1015 1020

Val Met Arg Gln Gly Gln Ile Pro Asn Val Arg Glu Arg Ile Pro
1025 1030 1035

Tyr Val Ile Val Ala Pro Thr Asp Glu Val Glu Ala Asp Ala Lys
1040 1045 1050

Ser Val Ala Leu Leu Arg Gly Asp Pro Leu Gln Asn Thr Ala Gly
1055 1060 1065

Lys Arg Cys Gly Glu Ala Lys Arg Lys Leu Ile Ile Ser Asp Leu

1070

1075

1080

Ala Glu Asp Pro Ile His Val Thr Ser His Gly Leu Ser Leu Asn
 1085 1090 1095

Ile Asp Tyr Tyr Phe Ser His Leu Ile Gly Thr Ala Ser Val Thr
 1100 1105 1110

Phe Lys Ala Leu Phe Gly Asn Asp Thr Lys Leu Thr Glu Arg Leu
 1115 1120 1125

Leu Lys Arg Phe Ile Pro Glu Thr Arg Val Val Asn Val Lys Met
 1130 1135 1140

Leu Asn Arg Leu Gln Ala Ala Gly Phe Val Cys Ile His Ala Pro
 1145 1150 1155

Cys Trp Asp Asn Lys Met Asn Thr Glu Ala Glu Ile Thr Glu Glu
 1160 1165 1170

Glu Gln Ser His Gln Ile Met Arg Arg Val Phe Cys Ile Pro Lys
 1175 1180 1185

Ala Ile Leu His Gln Ser
 1190

<210> 65

<211> 156

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 65

Met Tyr Glu Ser Glu Asn Ala Ser Glu His His Pro Glu Leu Glu Asp
 1 5 10 15

Val Phe Ser Glu Asn Thr Gly Asp Ser Asn Pro Ser Met Gly Ser Ser
 20 25 30

Asp Ser Thr Arg Ser Ile Ser Gly Met Arg Ala Arg Asp Leu Ile Thr
35 40 45

Asp Thr Asp Val Asn Leu Leu Asn Ile Asp Ala Leu Glu Ser Lys Tyr
50 55 60

Phe Pro Ala Asp Ser Thr Phe Thr Leu Ser Val Trp Phe Glu Asn Leu
65 70 75 80

Ile Pro Pro Glu Ile Glu Ala Ile Leu Pro Thr Thr Asp Ala Gln Leu
85 90 95

Asn Tyr Ile Ser Phe Thr Ser Arg Leu Ala Ser Val Leu Lys His Lys
100 105 110

Glu Ser Asn Asp Ser Glu Lys Ser Ala Tyr Val Val Pro Cys Glu His
115 120 125

Ser Ala Ser Val Thr Arg Arg Arg Glu Arg Phe Ala Gly Val Met Ala
130 135 140

Lys Phe Leu Asp Leu His Glu Ile Leu Lys Asp Ala
145 150 155

<210> 66

<211> 269

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 66

Met Ser Arg Arg Thr Tyr Val Arg Ser Glu Arg Arg Arg Gly Cys Gly
1 5 10 15

Asp Asn Leu Leu Gln Arg Ile Arg Leu Val Val Pro Ser Ala Leu Gln
20 25 30

Cys Cys Asp Gly Asp Leu Pro Ile Phe Asp Pro Gln Arg Pro Pro Ala
35 40 45

Arg Cys Val Phe Gln Phe Asn Gly Glu Asp Asn Val Ser Glu Ala Phe
 50 55 60

Pro Val Glu Tyr Ile Met Arg Leu Met Ala Asn Trp Ala Gln Val Asp
 65 70 75 80

Cys Asp Pro Tyr Ile Lys Ile Gln Asn Thr Gly Val Ser Val Leu Phe
 85 90 95

Gln Gly Phe Phe Phe Arg Pro Thr Asn Ala Pro Val Ala Glu Val Ser
 100 105 110

Ile Asp Ser Asn Asn Val Ile Leu Ser Ser Thr Leu Ser Thr Gly Ile
 115 120 125

Asn Leu Ser Ala Leu Glu Ser Ile Lys Arg Gly Gly Gly Ile Asp Arg
 130 135 140

Arg Pro Leu Gln Ala Leu Met Trp Val Asn Cys Phe Val Arg Met Pro
 145 150 155 160

Tyr Val Gln Leu Ser Phe Arg Phe Met Gly Pro Glu Asp Pro Ser Arg
 165 170 175

Thr Ile Lys Leu Met Ala Arg Ala Thr Asp Ala Tyr Met Tyr Lys Glu
 180 185 190

Thr Gly Asn Asn Leu Asp Glu Tyr Ile Arg Trp Arg Pro Ser Phe Arg
 195 200 205

Ser Pro Pro Glu Asn Gly Ser Pro Asn Thr Ser Val Gln Met Gln Ser
 210 215 220

Asp Ile Lys Pro Ala Leu Pro Asp Thr Gln Thr Thr Arg Val Trp Lys
 225 230 235 240

Leu Ala Leu Pro Val Ala Asn Val Thr Tyr Ala Leu Phe Ile Val Ile

245

250

255

Val Leu Val Val Val Leu Gly Ala Val Leu Phe Trp Lys
260 265

<210> 67
<211> 235
<212> PRT
<213> Varicella zoster

<400> 67

Met Thr Gln Pro Ala Ser Ser Arg Val Val Phe Asp Pro Ser Asn Pro
1 5 10 15

Thr Thr Phe Ser Val Glu Ala Ile Ala Ala Tyr Thr Pro Val Ala Leu
20 25 30

Ile Arg Leu Leu Asn Ala Ser Gly Pro Leu Gln Pro Gly His Arg Val
35 40 45

Asp Ile Ala Asp Ala Arg Ser Ile Tyr Thr Val Gly Ala Ala Ala Ser
50 55 60

Ala Ala Arg Ala Arg Ala Asn His Asn Ala Asn Thr Ile Arg Arg Thr
65 70 75 80

Ala Met Phe Ala Glu Thr Asp Pro Met Thr Trp Leu Arg Pro Thr Val
85 90 95

Gly Leu Lys Arg Thr Phe Asn Pro Arg Ile Ile Arg Pro Gln Pro Pro
100 105 110

Asn Pro Ser Met Ser Leu Gly Ile Ser Gly Pro Thr Ile Leu Pro Gln
115 120 125

Lys Thr Gln Ser Ala Asp Gln Ser Ala Leu Gln Gln Pro Ala Ala Leu
130 135 140

Ala Phe Ser Gly Ser Ser Pro Gln His Pro Pro Pro Gln Thr Thr Ser
145 150 155 160

Ala Ser Val Gly Gln Gln Gln His Val Val Ser Gly Ser Ser Gly Gln
165 170 175

Gln Pro Gln Gln Gly Ala Gln Ser Ser Thr Val Gln Pro Thr Thr Gly
180 185 190

Ser Pro Pro Ala Ala Gln Gly Val Pro Gln Ser Thr Pro Pro Pro Thr
195 200 205

Gln Asn Thr Pro Gln Gly Gly Lys Gly Gln Thr Leu Ser His Thr Gly
210 215 220

Gln Ser Gly Asn Ala Ser Arg Ser Arg Arg Val
225 230 235

<210> 68
<211> 483
<212> PRT
<213> Varicella zoster

<400> 68

Met Gly Ser Gln Pro Thr Asn Ser His Phe Thr Leu Asn Glu Gln Thr
1 5 10 15

Leu Cys Gly Thr Asn Ile Ser Leu Leu Gly Asn Asn Arg Phe Ile Gln
20 25 30

Ile Gly Asn Gly Leu His Met Thr Tyr Ala Pro Gly Phe Phe Gly Asn
35 40 45

Trp Ser Arg Asp Leu Thr Ile Gly Pro Arg Phe Gly Gly Leu Asn Lys
50 55 60

Gln Pro Ile His Val Pro Pro Lys Arg Thr Glu Thr Ala Ser Ile Gln
65 70 75 80

Val Thr Pro Arg Ser Ile Val Ile Asn Arg Met Asn Asn Ile Gln Ile
85 90 95

Asn Pro Thr Ser Ile Gly Asn Pro Gln Val Thr Ile Arg Leu Pro Leu
100 105 110

Asn Asn Phe Lys Ser Thr Thr Gln Leu Ile Gln Gln Val Ser Leu Thr
115 120 125

Asp Phe Phe Arg Pro Asp Ile Glu His Ala Gly Ser Ile Val Leu Ile
130 135 140

Leu Arg His Pro Ser Asp Met Ile Gly Glu Ala Asn Thr Leu Thr Gln
145 150 155 160

Ala Gly Arg Asp Pro Asp Val Leu Leu Glu Gly Leu Arg Asn Leu Phe
165 170 175

Asn Ala Cys Thr Ala Pro Trp Thr Val Gly Glu Gly Gly Gly Leu Arg
180 185 190

Ala Tyr Val Thr Ser Leu Ser Phe Ile Ala Ala Cys Arg Ala Glu Glu
195 200 205

Tyr Thr Asp Lys Gln Ala Ala Asp Ala Asn Arg Thr Ala Ile Val Ser
210 215 220

Ala Tyr Gly Cys Ser Arg Met Glu Thr Arg Leu Ile Arg Phe Ser Glu
225 230 235 240

Cys Leu Arg Ala Met Val Gln Cys His Val Phe Pro His Arg Phe Ile
245 250 255

Ser Phe Phe Gly Ser Leu Leu Glu Tyr Thr Ile Gln Asp Asn Leu Cys
260 265 270

Asn Ile Thr Ala Val Ala Lys Gly Pro Gln Glu Ala Ala Arg Thr Asp

275

280

285

Lys Thr Ser Thr Arg Arg Val Thr Ala Asn Ile Pro Ala Cys Val Phe
 290 295 300

Trp Asp Val Asp Lys Asp Leu His Leu Ser Ala Asp Gly Leu Lys His
 305 310 315 320

Val Phe Leu Val Phe Val Tyr Thr Gln Arg Arg Gln Arg Glu Gly Val
 325 330 335

Arg Leu His Leu Ala Leu Ser Gln Leu Asn Glu Gln Cys Phe Gly Arg
 340 345 350

Gly Ile Gly Phe Leu Leu Gly Arg Ile Arg Ala Glu Asn Ala Ala Trp
 355 360 365

Gly Thr Glu Gly Val Ala Asn Thr His Gln Pro Tyr Asn Thr Arg Ala
 370 375 380

Leu Pro Leu Val Gln Leu Ser Asn Asp Pro Thr Ser Pro Arg Cys Ser
 385 390 395 400

Ile Gly Glu Ile Thr Gly Val Asn Trp Asn Leu Ala Arg Gln Arg Leu
 405 410 415

Tyr Gln Trp Thr Gly Asp Phe Arg Gly Leu Pro Thr Gln Leu Ser Cys
 420 425 430

Met Tyr Ala Ala Tyr Thr Leu Ile Gly Thr Ile Pro Ser Glu Ser Val
 435 440 445

Arg Tyr Thr Arg Arg Met Glu Arg Phe Gly Gly Tyr Asn Val Pro Thr
 450 455 460

Ile Trp Leu Glu Gly Val Val Trp Gly Gly Thr Asn Thr Trp Asn Glu
 465 470 475 480

Cys Tyr Tyr

<210> 69

<211> 775

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 69

Met	Glu	Phe	Lys	Arg	Ile	Phe	Asn	Thr	Val	His	Asp	Ile	Ile	Asn	Arg
1				5					10					15	

Leu	Cys	Gln	His	Gly	Tyr	Lys	Glu	Tyr	Ile	Ile	Pro	Pro	Glu	Ser	Thr
			20					25					30		

Thr	Pro	Val	Glu	Leu	Met	Glu	Tyr	Ile	Ser	Thr	Ile	Val	Ser	Lys	Leu
		35					40					45			

Lys	Ala	Val	Thr	Arg	Gln	Asp	Glu	Arg	Val	Tyr	Arg	Cys	Cys	Gly	Glu
	50					55					60				

Leu	Ile	His	Cys	Arg	Ile	Asn	Leu	Arg	Ser	Val	Ser	Met	Glu	Thr	Trp
65					70					75					80

Leu	Thr	Ser	Pro	Ile	Leu	Cys	Leu	Thr	Pro	Arg	Val	Arg	Gln	Ala	Ile
				85					90					95	

Glu	Gly	Arg	Arg	Asp	Glu	Ile	Arg	Arg	Ala	Ile	Leu	Glu	Pro	Phe	Leu
			100					105					110		

Lys	Asp	Gln	Tyr	Pro	Ala	Leu	Ala	Thr	Leu	Gly	Leu	Gln	Ser	Ala	Leu
		115					120					125			

Lys	Tyr	Glu	Asp	Phe	Tyr	Leu	Thr	Lys	Leu	Glu	Glu	Gly	Lys	Leu	Glu
	130						135					140			

Ser	Leu	Cys	Gln	Phe	Phe	Leu	Arg	Leu	Ala	Ala	Thr	Val	Thr	Thr	Glu
145						150				155					160

Ile Val Asn Leu Pro Lys Ile Ala Thr Leu Ile Pro Gly Ile Asn Asp
165 170 175

Gly Tyr Thr Trp Thr Asp Val Cys Arg Val Phe Phe Thr Ala Leu Ala
180 185 190

Cys Gln Lys Ile Val Pro Ala Thr Pro Val Met Met Phe Leu Gly Arg
195 200 205

Glu Thr Gly Ala Thr Ala Ser Cys Tyr Leu Met Asp Pro Glu Ser Ile
210 215 220

Thr Val Gly Arg Ala Val Arg Ala Ile Thr Gly Asp Val Gly Thr Val
225 230 235 240

Leu Gln Ser Arg Gly Gly Val Gly Ile Ser Leu Gln Ser Leu Asn Leu
245 250 255

Ile Pro Thr Glu Asn Gln Thr Lys Gly Leu Leu Ala Val Leu Lys Leu
260 265 270

Leu Asp Cys Met Val Met Ala Ile Asn Ser Asp Cys Glu Arg Pro Thr
275 280 285

Gly Val Cys Val Tyr Ile Glu Pro Trp His Val Asp Leu Gln Thr Val
290 295 300

Leu Ala Thr Arg Gly Met Leu Val Arg Asp Glu Ile Phe Arg Cys Asp
305 310 315 320

Asn Ile Phe Cys Cys Leu Trp Thr Pro Asp Leu Phe Phe Glu Arg Tyr
325 330 335

Leu Ser Tyr Leu Lys Gly Ala Ser Asn Val Gln Trp Thr Leu Phe Asp
340 345 350

Asn Arg Ala Asp Ile Leu Arg Thr Leu His Gly Glu Ala Phe Thr Ser
 355 360 365

Thr Tyr Leu Arg Leu Glu Arg Glu Gly Leu Gly Val Ser Ser Val Pro
 370 375 380

Ile Gln Asp Ile Ala Phe Thr Ile Ile Arg Ser Ala Ala Val Thr Gly
 385 390 395 400

Ser Pro Phe Leu Met Phe Lys Asp Ala Cys Asn Arg Asn Tyr His Met
 405 410 415

Asn Thr Gln Gly Asn Ala Ile Thr Gly Ser Asn Leu Cys Thr Glu Ile
 420 425 430

Val Gln Lys Ala Asp Ala His Gln His Gly Val Cys Asn Leu Ala Ser
 435 440 445

Ile Asn Leu Thr Thr Cys Leu Ser Lys Gly Pro Val Ser Phe Asn Leu
 450 455 460

Asn Asp Leu Gln Leu Thr Ala Arg Thr Thr Val Ile Phe Leu Asn Gly
 465 470 475 480

Val Leu Ala Ala Gly Asn Phe Pro Cys Lys Lys Ser Cys Lys Gly Val
 485 490 495

Lys Asn Asn Arg Ser Leu Gly Ile Gly Ile Gln Gly Leu His Thr Thr
 500 505 510

Cys Leu Arg Leu Gly Phe Asp Leu Thr Ser Gln Pro Ala Arg Arg Leu
 515 520 525

Asn Val Gln Ile Ala Glu Leu Met Leu Tyr Glu Thr Met Lys Thr Ser
 530 535 540

Met Glu Met Cys Lys Ile Gly Gly Leu Ala Pro Phe Lys Gly Phe Thr
 545 550 555 560

Glu Ser Lys Tyr Ala Lys Gly Trp Leu His Gln Asp Gly Phe Ser Thr
565 570 575

Ile Ser Tyr Leu Asp Leu Pro Trp Cys Thr Leu Arg Asp Asp Ile Cys
580 585 590

Ala Tyr Gly Leu Tyr Asn Ser Gln Phe Leu Ala Leu Met Pro Thr Val
595 600 605

Ser Ser Ala Gln Val Thr Glu Cys Ser Glu Gly Phe Ser Pro Ile Tyr
610 615 620

Asn Asn Met Phe Ser Lys Val Thr Thr Ser Gly Glu Leu Leu Arg Pro
625 630 635 640

Asn Leu Asp Leu Met Asp Glu Leu Arg Asp Met Tyr Ser Cys Glu Glu
645 650 655

Lys Arg Leu Glu Val Ile Asn Ile Leu Glu Lys Asn Gln Trp Ser Val
660 665 670

Ile Arg Ser Phe Gly Cys Leu Ser Asn Ser His Pro Leu Leu Lys Tyr
675 680 685

Lys Thr Ala Phe Glu Tyr Glu Gln Glu Asp Leu Val Asp Met Cys Ala
690 695 700

Glu Arg Ala Pro Phe Ile Asp Gln Ser Gln Ser Met Thr Leu Phe Ile
705 710 715 720

Glu Glu Arg Pro Asp Gly Thr Ile Pro Ala Ser Lys Ile Met Asn Leu
725 730 735

Leu Ile Arg Ala Tyr Lys Ala Gly Leu Lys Thr Gly Met Tyr Tyr Cys
740 745 750

Lys Ile Arg Lys Ala Thr Asn Ser Gly Leu Phe Ala Gly Gly Glu Leu
 755 760 765

Thr Cys Thr Ser Cys Ala Leu
 770 775

<210> 70
 <211> 306
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 70

Met Asp Gln Lys Asp Cys Ser His Phe Phe Tyr Arg Pro Glu Cys Pro
 1 5 10 15

Asp Ile Asn Asn Leu Arg Ala Leu Ser Ile Ser Asn Arg Trp Leu Glu
 20 25 30

Ser Asp Phe Ile Ile Glu Asp Asp Tyr Gln Tyr Leu Asp Cys Leu Thr
 35 40 45

Glu Asp Glu Leu Ile Phe Tyr Arg Phe Ile Phe Thr Phe Leu Ser Ala
 50 55 60

Ala Asp Asp Leu Val Asn Val Asn Leu Gly Ser Leu Thr Gln Leu Phe
 65 70 75 80

Ser Gln Lys Asp Ile His His Tyr Tyr Ile Glu Gln Glu Cys Ile Glu
 85 90 95

Val Val His Ala Arg Val Tyr Ser Gln Ile Gln Leu Met Leu Phe Arg
 100 105 110

Gly Asp Glu Ser Leu Arg Val Gln Tyr Val Asn Val Thr Ile Asn Asn
 115 120 125

Pro Ser Ile Gln Gln Lys Val Gln Trp Leu Glu Glu Lys Val Arg Asp
 130 135 140

Asn Pro Ser Val Ala Glu Lys Tyr Ile Leu Met Ile Leu Ile Glu Gly
145 150 155 160

Ile Phe Phe Val Ser Ser Phe Ala Ala Ile Ala Tyr Leu Arg Asn Asn
165 170 175

Gly Leu Phe Val Val Thr Cys Gln Phe Asn Asp Leu Ile Ser Arg Asp
180 185 190

Glu Ala Ile His Thr Ser Ala Ser Cys Cys Ile Tyr Asn Asn Tyr Val
195 200 205

Pro Glu Lys Pro Ala Ile Thr Arg Ile His Gln Leu Phe Ser Glu Ala
210 215 220

Val Glu Ile Glu Cys Ala Phe Leu Lys Ser His Ala Pro Lys Thr Arg
225 230 235 240

Leu Val Asn Val Asp Ala Ile Thr Gln Tyr Val Lys Phe Ser Ala Asp
245 250 255

Arg Leu Leu Ser Ala Ile Asn Val Pro Lys Leu Phe Asn Thr Pro Pro
260 265 270

Pro Asp Ser Asp Phe Pro Leu Ala Phe Met Ile Ala Asp Lys Asn Thr
275 280 285

Asn Phe Phe Glu Arg His Ser Thr Ser Tyr Ala Gly Thr Val Ile Asn
290 295 300

Asp Leu
305

<210> 71

<211> 408

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 71

Met Asp Leu Arg Ser Arg Thr Asp Asp Ala Leu Asp Met Glu Leu His
 1 5 10 15

Ala Gly Phe Asp Ala Pro Glu Ile Ala Arg Ala Val Leu Thr Glu Lys
 20 25 30

Thr Leu Thr Gly Leu Ile Ser Ser Ile Ser Pro Leu Val Asn Arg Leu
 35 40 45

Arg Asp Ser Ile Leu Ile Phe Ser Asp Glu Gly Leu Ile Ile His Cys
 50 55 60

Ser Leu Glu Thr Glu Gln Leu Tyr Ile Pro Ile Pro Ala Asn Met Phe
 65 70 75 80

Asp Gln Tyr Asn Trp Thr Gly Pro Arg Met Val Val Leu Ala Ala Thr
 85 90 95

Glu Gly Arg Ser Ser Leu Ile Asp Ala Phe Arg His Thr Lys Asp Pro
 100 105 110

Ser Thr Pro Thr Arg Leu Tyr Phe Lys Phe Thr Gly Gln Pro Pro Glu
 115 120 125

Arg Ser Ile Ile Gln Thr Met Val Trp Gln Arg Pro Gly Asp Cys Gly
 130 135 140

Pro Asp Asp Gln Val Gln Cys Tyr Lys Gln Val Val Lys Arg Glu Leu
 145 150 155 160

Ala Cys Tyr Thr Met Met Phe Pro Asn Leu Thr Pro Asp Ile Ser Ile
 165 170 175

Cys Leu Lys Arg Asp Gln Phe Thr Arg Leu Gln Arg Leu Leu Lys Thr
 180 185 190

Phe Gly Phe Thr Thr Cys Phe Ile Leu Thr Ala Thr Asp Met Tyr Ile
 195 200 205

Gln Thr Ala Gly Gly Gly Phe Ile Ser Phe Asn Val Ser Leu Asp Ile
 210 215 220

Asn Gly Ser Lys Pro Thr Pro Tyr Asn Leu Ile Arg Ser Ile Thr Asn
 225 230 235 240

Ser Lys Arg Ile Leu Asn Asn Val Val Tyr Gly Ser Gly Ser Met Arg
 245 250 255

Glu Phe Gly Val Leu Leu Glu Thr His Ser Gly Phe Arg Ser Ala Val
 260 265 270

Gln Asn Leu Lys Leu Thr Arg Asp Glu Thr Cys Tyr Ile Asn Phe Tyr
 275 280 285

Leu Ala Leu Thr Asn Ser Pro Met Val Gly Leu Tyr Ile Gln Arg Ser
 290 295 300

Ala Pro Val His Ser Phe Phe Tyr Ala Thr Phe Leu Ser Pro Lys Asp
 305 310 315 320

Leu Lys Glu Lys Leu Thr Ser Met Gln Leu Phe Ala Asn Met Glu Ser
 325 330 335

Val Lys Asp Glu Pro Pro Leu Lys Lys Arg Arg Asn Leu Leu Thr Lys
 340 345 350

Arg Asn Glu Lys Asn Thr Gly Asn Lys Met Gly Gly Lys Leu Pro Glu
 355 360 365

Thr Thr Trp Gln Glu Gly Ile Gly Ile Arg Glu Tyr Cys Val Ala Pro
 370 375 380

Pro Val Asp Pro Ala Gly Thr Leu Asp Tyr Ser Glu Leu Ser Arg Glu
 385 390 395 400

Ser Asp Val Ile Cys Thr Val Lys
405

<210> 72
<211> 406
<212> PRT
<213> Varicella zoster

<400> 72

Met Ala Val Asn Gly Glu Arg Ala Val His Asp Glu Asn Leu Gly Val
1 5 10 15

Leu Asp Arg Glu Leu Ile Arg Ala Gln Ser Ile Gln Gly Cys Val Gly
20 25 30

Asn Pro Gln Glu Cys Asn Ser Cys Ala Ile Thr Ser Ala Ser Arg Leu
35 40 45

Phe Leu Val Gly Leu Gln Ala Ser Val Ile Thr Ser Gly Leu Ile Leu
50 55 60

Gln Tyr His Val Cys Glu Ala Ala Val Asn Ala Thr Ile Met Gly Leu
65 70 75 80

Ile Val Val Ser Gly Leu Trp Pro Thr Ser Val Lys Phe Leu Arg Thr
85 90 95

Leu Ala Lys Leu Gly Arg Cys Leu Gln Thr Val Val Val Leu Gly Phe
100 105 110

Ala Val Leu Trp Ala Val Gly Cys Pro Ile Ser Arg Asp Leu Pro Phe
115 120 125

Val Glu Leu Leu Gly Ile Ser Ile Ser Ala Ile Thr Gly Thr Val Ala
130 135 140

Ala Val His Ile His Tyr Tyr Asn Phe Val Thr Thr Phe Asn Gly Pro

出証特 2 0 0 5 - 3 0 3 5 3 8 5

Ile Leu Thr Ser Thr Val Ala Ala Gly Leu Thr Cys Ile Gln Met Met
 355 360 365

Arg Leu Ser Val Lys Pro Ile Asp Cys Phe Met Ala Ser His Ile Thr
 370 375 380

Lys Val Tyr His Val Cys Val Tyr Ile Ile Ile Asn Leu Cys Tyr Leu
 385 390 395 400

Cys Gly Thr Tyr Val Ser
 405

<210> 73
 <211> 560
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 73

Met Lys Arg Ile Gln Ile Asn Leu Ile Leu Thr Ile Ala Cys Ile Gln
 1 5 10 15

Leu Ser Thr Glu Ser Gln Pro Thr Pro Val Ser Ile Thr Glu Leu Tyr
 20 25 30

Thr Ser Ala Ala Thr Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala Pro Thr Ser
 35 40 45

Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala
 50 55 60

Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg
 65 70 75 80

Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Thr Arg Lys Pro
 85 90 95

Asp Pro Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro
 100 105 110

Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Thr Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val
115 120 125

Ala Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala Ala Asn Thr
130 135 140

Gln His Ser Gln Pro Pro Phe Leu Tyr Glu Asn Ile Gln Cys Val His
145 150 155 160

Gly Gly Ile Gln Ser Ile Pro Tyr Phe His Thr Phe Ile Met Pro Cys
165 170 175

Tyr Met Arg Leu Thr Thr Gly Gln Gln Ala Ala Phe Lys Gln Gln Gln
180 185 190

Lys Thr Tyr Glu Gln Tyr Ser Leu Asp Pro Glu Gly Ser Asn Ile Thr
195 200 205

Arg Trp Lys Ser Leu Ile Arg Pro Asp Leu His Ile Glu Val Trp Phe
210 215 220

Thr Arg His Leu Ile Asp Pro His Arg Gln Leu Gly Asn Ala Leu Ile
225 230 235 240

Arg Met Pro Asp Leu Pro Val Met Leu Tyr Ser Asn Ser Ala Asp Leu
245 250 255

Asn Leu Ile Asn Asn Pro Glu Ile Phe Thr His Ala Lys Glu Asn Tyr
260 265 270

Val Ile Pro Asp Val Lys Thr Thr Ser Asp Phe Ser Val Thr Ile Leu
275 280 285

Ser Met Asp Ala Thr Thr Glu Gly Thr Tyr Ile Trp Arg Val Val Asn
290 295 300

Thr Lys Thr Lys Asn Val Ile Ser Glu His Ser Ile Thr Val Thr Thr
305 310 315 320

Tyr Tyr Arg Pro Asn Ile Thr Val Val Gly Asp Pro Val Leu Thr Gly
325 330 335

Gln Thr Tyr Ala Ala Tyr Cys Asn Val Ser Lys Tyr Tyr Pro Pro His
340 345 350

Ser Val Arg Val Arg Trp Thr Ser Arg Phe Gly Asn Ile Gly Lys Asn
355 360 365

Phe Ile Thr Asp Ala Ile Gln Glu Tyr Ala Asn Gly Leu Phe Ser Tyr
370 375 380

Val Ser Ala Val Arg Ile Pro Gln Gln Lys Gln Met Asp Tyr Pro Pro
385 390 395 400

Pro Ala Ile Gln Cys Asn Val Leu Trp Ile Arg Asp Gly Val Ser Asn
405 410 415

Met Lys Tyr Ser Ala Val Val Thr Pro Asp Val Tyr Pro Phe Pro Asn
420 425 430

Val Ser Ile Gly Ile Ile Asp Gly His Ile Val Cys Thr Ala Lys Cys
435 440 445

Val Pro Arg Gly Val Val His Phe Val Trp Trp Val Asn Asp Ser Pro
450 455 460

Ile Asn His Glu Asn Ser Glu Ile Thr Gly Val Cys Asp Gln Asn Lys
465 470 475 480

Arg Phe Val Asn Met Gln Ser Ser Cys Pro Thr Ser Glu Leu Asp Gly
485 490 495

Pro Ile Thr Tyr Ser Cys His Leu Asp Gly Tyr Pro Lys Lys Phe Pro
500 505 510

Pro Phe Ser Ala Val Tyr Thr Tyr Asp Ala Ser Thr Tyr Ala Thr Thr
 515 520 525

Phe Ser Val Val Ala Val Ile Ile Gly Val Ile Ser Ile Leu Gly Thr
 530 535 540

Leu Gly Leu Ile Ala Val Ile Ala Thr Leu Cys Ile Arg Cys Cys Ser
 545 550 555 560

<210> 74

<211> 396

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 74

Met Asn Glu Ala Val Ile Asp Pro Ile Leu Glu Thr Ala Val Asn Thr
 1 5 10 15

Gly Asp Met Phe Cys Ser Gln Thr Ile Pro Asn Arg Cys Leu Lys Asp
 20 25 30

Thr Ile Leu Ile Glu Val Gln Pro Glu Cys Ala Asp Thr Leu Gln Cys
 35 40 45

Val Leu Asp Asp Lys Val Ser Arg His Gln Pro Leu Leu Leu Arg Asn
 50 55 60

His Lys Lys Leu Glu Leu Pro Ser Glu Lys Ser Val Thr Arg Gly Gly
 65 70 75 80

Phe Tyr Met Gln Gln Leu Glu Leu Leu Val Lys Ser Ala Pro Pro Asn
 85 90 95

Glu Tyr Ala Leu Leu Leu Ile Gln Cys Lys Asp Thr Ala Leu Ala Asp
 100 105 110

Glu Asp Asn Phe Phe Val Ala Asn Gly Val Ile Asp Ala Gly Tyr Arg

115

120

125

Gly Val Ile Ser Ala Leu Leu Tyr Tyr Arg Pro Gly Val Thr Val Ile
 130 135 140

Leu Pro Gly His Leu Thr Ile Tyr Leu Phe Pro Val Lys Leu Arg Gln
 145 150 155 160

Ser Arg Leu Leu Pro Lys Asn Val Leu Lys His Leu Asp Pro Ile Phe
 165 170 175

Lys Ser Ile Gln Val Gln Pro Leu Ser Asn Ser Pro Ser Asn Tyr Glu
 180 185 190

Lys Pro Val Ile Pro Glu Phe Ala Asp Ile Ser Thr Val Gln Gln Gly
 195 200 205

Gln Pro Leu His Arg Asp Ser Ala Glu Tyr His Ile Asp Val Pro Leu
 210 215 220

Thr Tyr Lys His Ile Ile Asn Pro Lys Arg Gln Glu Asp Ala Gly Tyr
 225 230 235 240

Asp Ile Cys Val Pro Tyr Asn Leu Tyr Leu Lys Arg Asn Glu Phe Ile
 245 250 255

Lys Ile Val Leu Pro Ile Ile Arg Asp Trp Asp Leu Gln His Pro Ser
 260 265 270

Ile Asn Ala Tyr Ile Phe Gly Arg Ser Ser Lys Ser Arg Ser Gly Ile
 275 280 285

Ile Val Cys Pro Thr Ala Trp Pro Ala Gly Glu His Cys Lys Phe Tyr
 290 295 300

Val Tyr Asn Leu Thr Gly Asp Asp Ile Arg Ile Lys Thr Gly Asp Arg
 305 310 315 320

Leu Ala Gln Val Leu Leu Ile Asp His Asn Thr Gln Ile His Leu Lys
 325 330 335

His Asn Val Leu Ser Asn Ile Ala Phe Pro Tyr Ala Ile Arg Gly Lys
 340 345 350

Cys Gly Ile Pro Gly Val Gln Trp Tyr Phe Thr Lys Thr Leu Asp Leu
 355 360 365

Ile Ala Thr Pro Ser Glu Arg Gly Thr Arg Gly Phe Gly Ser Thr Asp
 370 375 380

Lys Glu Thr Asn Asp Val Asp Phe Leu Leu Lys His
 385 390 395

<210> 75

<211> 1083

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 75

Met Asp Lys Ser Ser Lys Pro Thr Ile Arg Leu Leu Phe Ala Thr Lys
 1 5 10 15

Gly Cys Ala Ile Ser His Ser Leu Leu Leu Leu Thr Gly Gln Ile Ser
 20 25 30

Thr Glu Pro Leu Tyr Val Val Ser Tyr Thr Trp Thr Pro Asp Leu Asp
 35 40 45

Asp Val Phe Val Lys Asn Gly Arg Glu Glu Ile Thr Gln Val Ile Pro
 50 55 60

Thr Lys Arg Pro Arg Glu Val Thr Glu Asn Asp Glu Glu Asn Gln Ile
 65 70 75 80

Met His Leu Phe Cys Ser Arg Asp Val Asn Val Ile Phe Tyr Leu Ile
 85 90 95

Gly Gly Phe Ser Thr Gly Asp Val Arg Ser Arg Val Trp Pro Ile Phe
100 105 110

Phe Cys Cys Phe Lys Thr Gln Thr Asp Phe Lys Ala Leu Tyr Lys Ala
115 120 125

Leu Trp Tyr Gly Ala Pro Leu Asn Pro His Ile Ile Ser Asp Thr Leu
130 135 140

Cys Ile Ser Glu Thr Phe Asp Ile His Ser Glu Val Ile Gln Thr Leu
145 150 155 160

Met Val Thr Thr His His Leu Asn Arg Lys Gly Leu Ser Asp Asn Gly
165 170 175

Leu Cys Ile Thr Glu Ala Thr Leu Cys Lys Leu Val Lys Lys Ser Val
180 185 190

Gly Arg Gln Glu Leu Thr Ser Leu Tyr Ala His Tyr Glu Arg Gln Val
195 200 205

Leu Ala Ala Tyr Arg Arg Leu Tyr Trp Gly Tyr Gly Cys Ser Pro Phe
210 215 220

Trp Tyr Ile Val Arg Phe Gly Pro Ser Glu Lys Thr Leu Val Leu Ala
225 230 235 240

Thr Arg Tyr Tyr Leu Leu Gln Thr Asp Thr Ser Tyr Asn Thr Leu Glu
245 250 255

Thr Pro Leu Tyr Asp Leu Gln Ala Ile Lys Asp Leu Phe Leu Thr Tyr
260 265 270

Gln Val Pro Ala Leu Pro Asn Cys Ser Gly Tyr Asn Ile Ser Asp Leu
275 280 285

Leu Ser Phe Asp Lys Leu Ser Met Phe Cys Cys Ser Ser Thr Tyr Thr
290 295 300

Arg Gly Leu Thr Ala Lys Asn Ala Leu Ser Tyr Ile Leu Gln Arg Ile
305 310 315 320

His Thr Asp Thr Thr Glu Ile His Ala Val Ser Glu Tyr Ile Thr Asn
325 330 335

Asp Arg Lys Gly Leu Lys Val Pro Asp Arg Glu Phe Val Asp Tyr Ile
340 345 350

Tyr Leu Ala His Phe Glu Cys Phe Asn Arg Lys Gln Ile Ala Asp His
355 360 365

Leu Gln Ala Val Thr Tyr Ser Asp Phe Val Asn Lys Pro Val Leu Leu
370 375 380

Lys Ser Ser Asn Leu Gly Lys Arg Ala Thr Ala Asn Phe Phe Asn His
385 390 395 400

Val Arg Ser Arg Leu Asn Met Arg Asp Tyr Ile Lys Lys Asn Val Ile
405 410 415

Cys Asp Val Thr Glu Leu Gly Pro Glu Ile Gly His Lys Tyr Thr Ile
420 425 430

Thr Lys Thr Tyr Thr Leu Ser Leu Thr Tyr Ala Ala Lys Pro Ser Lys
435 440 445

Phe Ile Gly Val Cys Asp Leu Ala Thr Thr Leu Thr Arg Arg Val Glu
450 455 460

Asn Ile Glu Lys Gln Phe Ser Pro Tyr Gly Trp Ser Ser Thr Ile Pro
465 470 475 480

Ser Asn Pro Pro Gly Phe Asp Glu Leu Ser Asn Phe Glu Asp Ser Gly
485 490 495

Val Ser Ala Glu Ala Leu Arg Ala Ala Asn Phe Ala Asn Asp Thr Pro
500 505 510

Asn Gln Ser Gly Arg Thr Gly Phe Asp Thr Ser Pro Gly Ile Thr Lys
515 520 525

Leu Leu Leu Phe Phe Ser Ala Ala Thr Gly Ile Ala Thr His Asp Val
530 535 540

Ser Ile Leu Ser Tyr Lys Thr Pro Leu Glu Ala Leu Ile Gly His Ser
545 550 555 560

Glu Val Thr Gly Pro Met Pro Val Tyr Arg Val Ala Leu Pro His Gly
565 570 575

Ala Gln Ala Phe Ala Val Ile Ala Asn Asp Thr Trp Ser Ser Ile Thr
580 585 590

Asn Arg Tyr Thr Leu Pro His Glu Ala Arg Leu Ile Ala Glu Asp Leu
595 600 605

Lys Gln Ile Asn Pro Cys Asn Phe Val Ala Ala Ser Leu Arg Asp Met
610 615 620

Gln Leu Thr Leu Leu Leu Ser Thr Ser Val Lys Asn Val Ser Lys Ile
625 630 635 640

Ser Ser Asn Ile Pro Lys Asp Gln Leu Tyr Ile Asn Arg Asn Glu Leu
645 650 655

Phe Asn Thr Asn Leu Ile Ile Thr Asn Leu Ile Leu Asp Val Asp Phe
660 665 670

His Ile Arg Lys Pro Ile Pro Leu Gly Ile Leu His Ala Gly Met Arg
675 680 685

Ala Phe Arg His Gly Ile Leu Thr Ala Met Gln Leu Leu Phe Pro Lys
690 695 700

Ala Val Val Asn Pro Asn Lys Asp Pro Cys Tyr Phe Tyr Lys Thr Ala
705 710 715 720

Cys Pro Glu Pro Thr Val Glu Val Leu Asp Asp Asp Asn Leu Leu Asp
725 730 735

Ile Thr Ser His Ser Asp Ile Asp Phe Tyr Ile Glu Asn Gly Glu Leu
740 745 750

Tyr Thr Cys Val Glu Glu Asn Tyr Thr Glu Asp Val Trp Phe Phe Asp
755 760 765

Thr Gln Thr Thr Ser Glu Val His Thr His Ala Asp Val Ser Asn Asn
770 775 780

Glu Asn Leu His Glu Thr Leu Pro Cys Asn Cys Lys Glu Lys Ile Gly
785 790 795 800

Phe Arg Val Cys Val Pro Ile Pro Asn Pro Tyr Ala Leu Val Gly Ser
805 810 815

Ser Thr Leu Lys Gly Phe Ala Gln Ile Leu Gln Gln Ala Val Leu Leu
820 825 830

Glu Arg Glu Phe Val Glu Tyr Ile Gly Pro Tyr Leu Arg Asp Phe Ser
835 840 845

Phe Ile Asp Thr Gly Val Tyr Ser His Gly His Ser Leu Arg Leu Pro
850 855 860

Phe Phe Ser Lys Val Thr Thr Thr Gly Thr Ala Val Gly Gln Leu Leu
865 870 875 880

Pro Phe Tyr Val Val Pro Glu Gln Cys Ile Asp Ile Leu Ala Phe Val
885 890 895

Thr Ser His Arg Asn Pro Ala Asn Phe His Phe His Ser Arg Pro Gln
900 905 910

Ser Asn Val Pro Val Gln Phe Ile Leu His Asn Leu Gly Gly Glu Tyr
915 920 925

Ala Glu Phe Phe Glu Arg Lys Val Ala Arg Asn Lys Gln Ile Phe Ser
930 935 940

Ser Pro Gln Ile Ser Leu Thr Lys Ala Leu Lys Glu Arg Gly Val Thr
945 950 955 960

Cys Leu Asp Ala Phe Thr Leu Glu Ala Phe Val Asp Ser Thr Ile Leu
965 970 975

Glu Ser Ile Val Glu His Ile Ala Val His Phe Pro Gly Arg Asp Arg
980 985 990

Glu Tyr Thr Leu Thr Ser Ser Lys Cys Ile Ala Ile Lys Arg Asp Trp
995 1000 1005

Val Leu Phe Gln Leu Ile Cys Gly Thr Lys Gly Phe Thr Cys Leu
1010 1015 1020

Arg Tyr Pro His Arg Gly Gly Arg Thr Ala Pro Arg Thr Phe Val
1025 1030 1035

Ser Leu Arg Val Asp His His Asn Arg Leu Cys Ile Ser Leu Ala
1040 1045 1050

Gln Gln Cys Phe Ala Thr Lys Cys Asp Ser Asn Arg Met His Thr
1055 1060 1065

Ile Phe Thr Leu Glu Val Pro Asn Tyr Pro Asn Leu Thr Ser Ser
1070 1075 1080

<210> 76
 <211> 340
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 76

Met Gln Ala Leu Gly Ile Lys Thr Glu His Phe Ile Ile Met Cys Leu
 1 5 10 15

Leu Ser Gly His Ala Val Phe Thr Leu Trp Tyr Thr Ala Arg Val Lys
 20 25 30

Phe Glu His Glu Cys Val Tyr Ala Thr Thr Val Ile Asn Gly Gly Pro
 35 40 45

Val Val Trp Gly Ser Tyr Asn Asn Ser Leu Ile Tyr Val Thr Phe Val
 50 55 60

Asn His Ser Thr Phe Leu Asp Gly Leu Ser Gly Tyr Asp Tyr Ser Cys
 65 70 75 80

Arg Glu Asn Leu Leu Ser Gly Asp Thr Met Val Lys Thr Ala Ile Ser
 85 90 95

Thr Pro Leu His Asp Lys Ile Arg Ile Val Leu Gly Thr Arg Asn Cys
 100 105 110

His Ala Tyr Phe Trp Cys Val Gln Leu Lys Met Ile Phe Phe Ala Trp
 115 120 125

Phe Val Tyr Gly Met Tyr Leu Gln Phe Arg Arg Ile Arg Arg Met Phe
 130 135 140

Gly Pro Phe Arg Ser Ser Cys Glu Leu Ile Ser Pro Thr Ser Tyr Ser
 145 150 155 160

Leu Asn Tyr Val Thr Arg Val Ile Ser Asn Ile Leu Leu Gly Tyr Pro
 165 170 175

Tyr Thr Lys Leu Ala Arg Leu Leu Cys Asp Val Ser Met Arg Arg Asp
 180 185 190

Gly Met Ser Lys Val Phe Asn Ala Asp Pro Ile Ser Phe Leu Tyr Met
 195 200 205

His Lys Gly Val Thr Leu Leu Met Leu Leu Glu Val Ile Ala His Ile
 210 215 220

Ser Ser Gly Cys Ile Val Leu Leu Thr Leu Gly Val Ala Tyr Thr Pro
 225 230 235 240

Cys Ala Leu Leu Tyr Pro Thr Tyr Ile Arg Ile Leu Ala Trp Val Val
 245 250 255

Val Cys Thr Leu Ala Ile Val Glu Leu Ile Ser Tyr Val Arg Pro Lys
 260 265 270

Pro Thr Lys Asp Asn His Leu Asn His Ile Asn Thr Gly Gly Ile Arg
 275 280 285

Gly Ile Cys Thr Thr Cys Cys Ala Thr Val Met Ser Gly Leu Ala Ile
 290 295 300

Lys Cys Phe Tyr Ile Val Ile Phe Ala Ile Ala Val Val Ile Phe Met
 305 310 315 320

His Tyr Glu Gln Arg Val Gln Val Ser Leu Phe Gly Glu Ser Glu Asn
 325 330 335

Ser Gln Lys His
 340

<210> 77
 <211> 452
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 77

Met Ala Ser Ala Ser Ile Pro Thr Asp Pro Asp Val Ser Thr Ile Cys
 1 5 10 15

Glu Asp Phe Met Asn Leu Leu Pro Asp Glu Pro Ser Asp Asp Phe Ala
 20 25 30

Leu Glu Val Thr Asp Trp Ala Asn Asp Glu Ala Ile Gly Ser Thr Pro
 35 40 45

Gly Glu Asp Ser Thr Thr Ser Arg Thr Val Tyr Val Glu Arg Thr Ala
 50 55 60

Asp Thr Ala Tyr Asn Pro Arg Tyr Ser Lys Arg Arg His Gly Arg Arg
 65 70 75 80

Glu Ser Tyr His His Asn Arg Pro Lys Thr Leu Val Val Val Leu Pro
 85 90 95

Asp Ser Asn His His Gly Gly Arg Asp Val Glu Thr Gly Tyr Ala Arg
 100 105 110

Ile Glu Arg Gly His Arg Arg Ser Ser Arg Ser Tyr Asn Thr Gln Ser
 115 120 125

Ser Arg Lys His Arg Asp Arg Ser Leu Ser Asn Arg Arg Arg Arg Pro
 130 135 140

Thr Thr Pro Pro Ala Met Thr Thr Gly Glu Arg Asn Asp Gln Thr His
 145 150 155 160

Asp Glu Ser Tyr Arg Leu Arg Phe Ser Lys Arg Asp Ala Arg Arg Glu
 165 170 175

Arg Ile Arg Lys Glu Tyr Asp Ile Pro Val Asp Arg Ile Thr Gly Arg
 180 185 190

Ala Ile Glu Val Val Ser Thr Ala Gly Ala Ser Val Thr Ile Asp Ser
195 200 205

Val Arg His Leu Asp Glu Thr Ile Glu Lys Leu Val Val Arg Tyr Ala
210 215 220

Thr Ile Gln Glu Gly Asp Ser Trp Ala Ser Gly Gly Cys Phe Pro Gly
225 230 235 240

Ile Lys Gln Asn Thr Ser Trp Pro Glu Leu Met Leu Tyr Gly His Glu
245 250 255

Leu Tyr Arg Thr Phe Glu Ser Tyr Lys Met Asp Ser Arg Ile Ala Arg
260 265 270

Ala Leu Arg Glu Arg Val Ile Arg Gly Glu Ser Leu Ile Glu Ala Leu
275 280 285

Glu Ser Ala Asp Glu Leu Leu Thr Trp Ile Lys Met Leu Ala Ala Lys
290 295 300

Asn Leu Pro Ile Tyr Thr Asn Asn Pro Ile Val Ala Thr Ser Lys Ser
305 310 315 320

Leu Leu Glu Asn Leu Lys Leu Lys Leu Gly Pro Phe Val Arg Cys Leu
325 330 335

Leu Leu Asn Arg Asp Asn Asp Leu Gly Ser Arg Thr Leu Pro Glu Leu
340 345 350

Leu Arg Gln Gln Arg Phe Ser Asp Ile Thr Cys Ile Thr Thr Tyr Met
355 360 365

Phe Val Met Ile Ala Arg Ile Ala Asn Ile Val Val Arg Gly Ser Lys
370 375 380

Phe Val Glu Tyr Asp Asp Ile Ser Cys Asn Val Gln Val Leu Gln Glu
385 390 395 400

Tyr Thr Pro Gly Ser Cys Leu Ala Gly Val Leu Glu Ala Leu Ile Thr
 405 410 415

His Gln Arg Glu Cys Gly Arg Val Glu Cys Thr Leu Ser Thr Trp Ala
 420 425 430

Gly His Leu Ser Asp Ala Arg Pro Tyr Gly Lys Tyr Phe Lys Cys Ser
 435 440 445

Thr Phe Asn Cys
 450

<210> 78
 <211> 179
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 78

Met Asp Thr Thr Gly Ala Ser Glu Ser Ser Gln Pro Ile Arg Val Asn
 1 5 10 15

Leu Lys Pro Asp Pro Leu Ala Ser Phe Thr Gln Val Ile Pro Pro Leu
 20 25 30

Ala Leu Glu Thr Thr Trp Thr Cys Pro Ala Asn Ser His Ala Pro Thr
 35 40 45

Pro Ser Pro Leu Tyr Gly Val Lys Arg Leu Cys Ala Leu Arg Ala Thr
 50 55 60

Cys Gly Arg Ala Asp Asp Leu His Ala Phe Leu Ile Gly Leu Gly Arg
 65 70 75 80

Arg Asp Lys Pro Ser Glu Ser Pro Met Tyr Val Asp Leu Gln Pro Phe
 85 90 95

Cys Ser Leu Leu Asn Ser Gln Arg Leu Leu Pro Glu Met Ala Asn Tyr

100

105

110

Asn Thr Leu Cys Asp Ala Pro Phe Ser Ala Ala Thr Gln Gln Met Met
115 120 125

Leu Glu Ser Gly Gln Leu Gly Val His Leu Ala Ala Ile Gly Tyr His
130 135 140

Cys His Cys Lys Ser Pro Phe Ser Ala Glu Cys Trp Thr Gly Ala Ser
145 150 155 160

Glu Ala Tyr Asp His Val Val Cys Gly Gly Lys Ala Arg Ala Ala Val
165 170 175

Gly Gly Leu

<210> 79

<211> 108

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 79

Met Ser Arg Val Ser Glu Tyr Gly Val Pro Glu Gly Val Arg Glu Ser
1 5 10 15

Asp Ser Asp Thr Asp Ser Val Phe Met Tyr Gln His Thr Glu Leu Met
20 25 30

Gln Asn Asn Ala Ser Pro Leu Val Val Gln Thr Arg Pro Pro Ala Val
35 40 45

Leu Ile Pro Leu Val Asp Val Pro Arg Pro Arg Ser Arg Arg Lys Ala
50 55 60

Ser Ala Gln Leu Lys Met Gln Met Asp Arg Leu Cys Asn Val Leu Gly
65 70 75 80

Val Val Leu Gln Met Ala Thr Leu Ala Leu Val Thr Tyr Ile Ala Phe
 85 90 95

Val Val His Thr Arg Ala Thr Ser Cys Lys Arg Glu
 100 105

<210> 80
 <211> 5743
 <212> DNA
 <213> Varicella zoster

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1056)

<220>
 <221> CDS
 <222> (4556)..(5740)

<400> 80
 atg tca ttg ata atg ttt ggt cgt acg ctt ggt gaa gaa tct gta aga 48
 Met Ser Leu Ile Met Phe Gly Arg Thr Leu Gly Glu Glu Ser Val Arg
 1 5 10 15

tat ttt gaa cgt cta aag cgt cgt agg gat gaa cgc ttt ggg acg ttg 96
 Tyr Phe Glu Arg Leu Lys Arg Arg Arg Asp Glu Arg Phe Gly Thr Leu
 20 25 30

gag tcc cct acc ccg tgt tcc acg cgg caa ggg tct ctg gga aac gca 144
 Glu Ser Pro Thr Pro Cys Ser Thr Arg Gln Gly Ser Leu Gly Asn Ala
 35 40 45

acc caa atc ccg ttt ctg aat ttt gct ata gat gta acc cga cgt cat 192
 Thr Gln Ile Pro Phe Leu Asn Phe Ala Ile Asp Val Thr Arg Arg His
 50 55 60

cag gcc gtt att ccc gga att gga acg ctt cac aac tgt tgt gaa tat 240
 Gln Ala Val Ile Pro Gly Ile Gly Thr Leu His Asn Cys Cys Glu Tyr
 65 70 75 80

att cca ctg ttc tcg gct act gct cga cgg gca atg ttt ggc gcg ttt 288
 Ile Pro Leu Phe Ser Ala Thr Ala Arg Arg Ala Met Phe Gly Ala Phe
 85 90 95

cta tcg tca aca ggg tac aac tgt acc ccc aat gta gtt ttg aaa cca 336
 Leu Ser Ser Thr Gly Tyr Asn Cys Thr Pro Asn Val Val Leu Lys Pro
 100 105 110

tgg cga tat tcg gta aat gca aac gta agc cct gaa tta aaa aag gct Trp Arg Tyr Ser Val Asn Ala Asn Val Ser Pro Glu Leu Lys Lys Ala 115 120 125	384
gtc agt agt gta cag ttt tat gaa tat tca ccg gaa gaa gca gca cct Val Ser Ser Val Gln Phe Tyr Glu Tyr Ser Pro Glu Glu Ala Ala Pro 130 135 140	432
cat cga aat gcg tat agc ggt gtt atg aac aca ttt cgc gcg ttt tct His Arg Asn Ala Tyr Ser Gly Val Met Asn Thr Phe Arg Ala Phe Ser 145 150 155 160	480
ctg tcg gat agt ttc tgt cag ttg tct acc ttt aca caa cgg ttt tcg Leu Ser Asp Ser Phe Cys Gln Leu Ser Thr Phe Thr Gln Arg Phe Ser 165 170 175	528
tac ctt gtg gaa aca tct ttt gag agt att gaa gag tgt gga agt cat Tyr Leu Val Glu Thr Ser Phe Glu Ser Ile Glu Glu Cys Gly Ser His 180 185 190	576
ggc aaa cgc gca aag gtt gac gtt cca atc tat ggc aga tat aag ggg Gly Lys Arg Ala Lys Val Asp Val Pro Ile Tyr Gly Arg Tyr Lys Gly 195 200 205	624
acg ttg gaa ctg ttt caa aaa atg atc ctc atg cac acc acg cat ttt Thr Leu Glu Leu Phe Gln Lys Met Ile Leu Met His Thr Thr His Phe 210 215 220	672
att tca tcg gtg cta ttg ggc gat cat gcc gac aga gtt gac tgc ttt Ile Ser Ser Val Leu Leu Gly Asp His Ala Asp Arg Val Asp Cys Phe 225 230 235 240	720
ctg cgt aca gtg ttt aac acg cca agt gtt tct gac agt gtt tta gaa Leu Arg Thr Val Phe Asn Thr Pro Ser Val Ser Asp Ser Val Leu Glu 245 250 255	768
cac ttc aaa caa aaa tca act gtg ttt ttg gta cca cgt aga cat ggg His Phe Lys Gln Lys Ser Thr Val Phe Leu Val Pro Arg Arg His Gly 260 265 270	816
aaa aca tgg ttt ctt gta cca tta ata gct tta gta atg gcc acg ttt Lys Thr Trp Phe Leu Val Pro Leu Ile Ala Leu Val Met Ala Thr Phe 275 280 285	864
aga gga att aaa gtg ggt tat acg gct cat ata cgc aaa gca acg gaa Arg Gly Ile Lys Val Gly Tyr Thr Ala His Ile Arg Lys Ala Thr Glu 290 295 300	912
ccc gtg ttt gag ggt atc aag tct cgc ctg gaa cag tgg ttt ggg gca	960

出証特 2 0 0 5 - 3 0 3 5 3 8 5

attgccgccc ggggtacttgt ggggtttaatg ccaccacccc ggttatttta tatTTtaaga 2316
gggggtggaa acgggagaaa tgacgtaaaa ttacatatga agagattctg gtgttatgtt 2376
tttatagtga cactaattta tttatggggg ttgggaatag agaagcagaa tctgtctaga 2436
ataggtccga ttaacgatgc aggtagtgtc gcctgtaggg tatcggtaat acaaaaacat 2496
gccgcaaadc cccccggtaa aactaaaatg gattgtaatt gctgggttaa tcctagacaa 2556
atgtacgcgt aacattgacc gggtaaatac ttagaacaaa ttccaatadc aacaatatcc 2616
gcgctgcgt taaatttacc cctcagttgt gtggaattac caataccaac cttttctaag 2676
gctacgggaa cggggacctt ggaaagctta agtatttccc ctcctgaatt ataatagtca 2736
aataaatata tagaacgatt acctaaccag catgggaagg aagcgtgaag gtaggggtata 2796
tccccccac cttgtggctg tgtatataca gatgacagat acgcaaaac cgcatacatc 2856
aaggagctgt tataaaacgc atccattgac atttccgtta acaccgaaac tatagtctga 2916
atcaggtctg gtgtgcgggc tacaatttca tcaataaccg tttgggaaga atctgcaata 2976
tcatattcca tgagttgttg tagagtcggg ttcgtttgta actccgttat aagaccttgg 3036
gttagcgatg tcacacacgc ttgtttaaat acctggttta aaaacatttc ggcgcctggt 3096
ttaaaggcgg gtaagggggg ttgattattt aggacgttag ccaaaaacgg taaacgcgcg 3156
actagctctt ggcgagctgt cacatgtagg ctttggggat tgtcaacccg ggcatttata 3216
cacgcagcat caataatagc ctgtgcagag tgatataaaa ttggacttcc ggtaatacgt 3276
cctccccagg cagaggatcc gttgtaagat actacaatca acggactggg ggattctgcg 3336
taatgtcgcg gtacaattga taggggacgc cgtttccaga aatctgctgg agtgtccccg 3396
ctaactaatt gggcataaca gatgtcgaac cattccataa gactttgggg ttctgtcgaa 3456
gctggggtaa acaatagaac gtcttgtaaa ggtgggatgc tggcggacga attgtttttc 3516
tttcccgtaa atcgcccttg tccaggcggc tcaaggacgc catcaaagga accgttattg 3576
atcggatctg tgttggaagt ttgcgctccg tggccctttg cactttgaag caaccagat 3636
gcaacgcggg aactagaagg tcggacgggg tgcctggagt taacaatgtt tacggcccgt 3696
tttattagct caaggacgtc ccgattattt tcctgtatgc gtgtttcagc aggggagtca 3756

tcaatacctc cagaagttaa ctgtcgatca agatcgatta tggatgaaac ggggtccaata	3816
ttgtcccat ttgacgtgtg tgattcacc atggctgcca ccatatgctc tgcgtatatt	3876
tttatagacg atgcaagacg aggggtgcat cggatatacg caatcagctg tttgcataat	3936
aaaagtaccc gttgtccatc agcaaaataa cgcgttccgt ttgggattag ttctgcatac	3996
ataatacaaa tatcacgggtg cttgcggttt ccagtattta ttcgtatcgc tacaacgtta	4056
aatgcatcaa agaataaacc ggggctaaga taaacaggca atgataaaat caatccccct	4116
gaattatgcg tggccgaaaa aacgtgtgaa acaaattggtt ccgttttttg tatttaagaga	4176
tttgtaagg cgttatcggg aatgtacgcg gcgaaaactt gacaccacgg ttcgcattga	4236
cctgtagcat gatatcttgt ttgtacttca accttgaagc gttgtccggg tttctttaaa	4296
atcagtaatg cgggatctat tccggccgca ataagccccg cgtaggtat cacaacgtgt	4356
agtaatcctt ttgtgtgatc attatgcaa agtgcattgt tggtttcatt tgccaaatgg	4416
gcttccatta tacaccgat atggttgtag tggaaaaaaa aaagaaatat gtacgtattc	4476
aaacattttt tacgtacgtg gtatttaagg atacatttaa actttggtgg ggtaactata	4536
tatctttcta tcgttcag ggt atc cga ggt caa gat ttt aat ctt ctg ttt	4588
Gly Ile Arg Gly Gln Asp Phe Asn Leu Leu Phe	
355 360	
gtg gat gaa gct aat ttt att cga cct gat gct gta caa act ata gtc	4636
Val Asp Glu Ala Asn Phe Ile Arg Pro Asp Ala Val Gln Thr Ile Val	
365 370 375	
gga ttt tta aat caa acc aat tgt aaa att att ttt gtt tca tca aca	4684
Gly Phe Leu Asn Gln Thr Asn Cys Lys Ile Ile Phe Val Ser Ser Thr	
380 385 390 395	
aat acc gga aaa gca agt aca agt ttt ttg tat aac tta cgt gga tgc	4732
Asn Thr Gly Lys Ala Ser Thr Ser Phe Leu Tyr Asn Leu Arg Gly Ser	
400 405 410	
tcg gat cag ttg tta aac gtt gtt aca tat gta tgc gac gat cac atg	4780
Ser Asp Gln Leu Leu Asn Val Val Thr Tyr Val Cys Asp Asp His Met	
415 420 425	
ccg cgt gtt tta gca cat agc gat gtc aca gct tgt tcg tgt tat gta	4828
Pro Arg Val Leu Ala His Ser Asp Val Thr Ala Cys Ser Cys Tyr Val	
430 435 440	

tta aat aag ccg gtt ttc atc aca atg gat gga gcc atg cgg cgc act Leu Asn Lys Pro Val Phe Ile Thr Met Asp Gly Ala Met Arg Arg Thr 445 450 455	4876
gca gat tta ttt atg gcc gac tcc ttc gtg cag gaa att gta ggt ggg Ala Asp Leu Phe Met Ala Asp Ser Phe Val Gln Glu Ile Val Gly Gly 460 465 470 475	4924
cgt aaa cag aat tct ggg ggt gtg ggg ttt gac cgg cca tta ttt aca Arg Lys Gln Asn Ser Gly Gly Val Gly Phe Asp Arg Pro Leu Phe Thr 480 485 490	4972
aaa act gcc cgt gag agg ttt att tta tat cgg ccg tca acc gtt gcg Lys Thr Ala Arg Glu Arg Phe Ile Leu Tyr Arg Pro Ser Thr Val Ala 495 500 505	5020
aat tgt gct ata tta tcg tca gtg ttg tac gtt tac gta gac cct gca Asn Cys Ala Ile Leu Ser Ser Val Leu Tyr Val Tyr Val Asp Pro Ala 510 515 520	5068
ttt acc tca aat aca cga gcg tct ggt act ggt gta gcg att gtt ggt Phe Thr Ser Asn Thr Arg Ala Ser Gly Thr Gly Val Ala Ile Val Gly 525 530 535	5116
cgt tat aag tcg gat tgg att ata ttt gga ttg gag cac ttt ttt ctt Arg Tyr Lys Ser Asp Trp Ile Ile Phe Gly Leu Glu His Phe Phe Leu 540 545 550 555	5164
aga gct tta act ggc acg tct tcc agt gag ata ggg cgt tgc gtt act Arg Ala Leu Thr Gly Thr Ser Ser Ser Glu Ile Gly Arg Cys Val Thr 560 565 570	5212
caa tgc tta ggc cac ata ctc gct tta cac ccc aat aca ttt aca aac Gln Cys Leu Gly His Ile Leu Ala Leu His Pro Asn Thr Phe Thr Asn 575 580 585	5260
gta cac gtt tct ata gag gga aac agc agc cag gat tct gca gtt gcc Val His Val Ser Ile Glu Gly Asn Ser Ser Gln Asp Ser Ala Val Ala 590 595 600	5308
ata tcg ttg gct ata gca caa cag ttt gct gtc ctc gaa aag gga aac Ile Ser Leu Ala Ile Ala Gln Phe Ala Val Leu Glu Lys Gly Asn 605 610 615	5356
gtg cta tct tcc gct cca gtg tta ctg ttt tat cat tcc ata cct ccc Val Leu Ser Ser Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr His Ser Ile Pro Pro 620 625 630 635	5404
gga tgt agc gtg gcg tac cct ttt ttt tta tta caa aaa caa aaa acg	5452

Gly Cys Ser Val	Ala Tyr Pro Phe Phe Leu Leu Gln Lys Gln Lys Thr	
640	645	650
ccg gcc gta gac tat ttt gtt aaa cga ttt aac tcc gga aat ata ata	5500	
Pro Ala Val Asp Tyr Phe Val Lys Arg Phe Asn Ser Gly Asn Ile Ile	655	660 665
gcc tca cag gag ctt gta tcc cta aca gta aag tta ggt gta gac ccc	5548	
Ala Ser Gln Glu Leu Val Ser Leu Thr Val Lys Leu Gly Val Asp Pro	670	675 680
gtg gag tat cta tgt aaa cag ttg gat aac ctg aca gag gta att aaa	5596	
Val Glu Tyr Leu Cys Lys Gln Leu Asp Asn Leu Thr Glu Val Ile Lys	685	690 695
ggc ggt atg ggt aat cta gac aca aaa act tac acg ggt aaa ggt acc	5644	
Gly Gly Met Gly Asn Leu Asp Thr Lys Thr Tyr Thr Gly Lys Gly Thr	700	705 710 715
acg gga aca atg tca gat gat ctg atg gtt gca tta att atg tcc gtg	5692	
Thr Gly Thr Met Ser Asp Asp Leu Met Val Ala Leu Ile Met Ser Val	720	725 730
tat att ggc agt tca tgt ata ccg gat tcc gtg ttt atg cct att aaa	5740	
Tyr Ile Gly Ser Ser Cys Ile Pro Asp Ser Val Phe Met Pro Ile Lys	735	740 745
taa	5743	

<210> 81
 <211> 747
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 81

Met Ser Leu Ile Met Phe Gly Arg Thr Leu Gly Glu Glu Ser Val Arg
1 5 10 15

Tyr Phe Glu Arg Leu Lys Arg Arg Arg Asp Glu Arg Phe Gly Thr Leu
20 25 30

Glu Ser Pro Thr Pro Cys Ser Thr Arg Gln Gly Ser Leu Gly Asn Ala
35 40 45

Thr Gln Ile Pro Phe Leu Asn Phe Ala Ile Asp Val Thr Arg Arg His

50

55

60

Gln Ala Val Ile Pro Gly Ile Gly Thr Leu His Asn Cys Cys Glu Tyr
65 70 75 80

Ile Pro Leu Phe Ser Ala Thr Ala Arg Arg Ala Met Phe Gly Ala Phe
85 90 95

Leu Ser Ser Thr Gly Tyr Asn Cys Thr Pro Asn Val Val Leu Lys Pro
100 105 110

Trp Arg Tyr Ser Val Asn Ala Asn Val Ser Pro Glu Leu Lys Lys Ala
115 120 125

Val Ser Ser Val Gln Phe Tyr Glu Tyr Ser Pro Glu Glu Ala Ala Pro
130 135 140

His Arg Asn Ala Tyr Ser Gly Val Met Asn Thr Phe Arg Ala Phe Ser
145 150 155 160

Leu Ser Asp Ser Phe Cys Gln Leu Ser Thr Phe Thr Gln Arg Phe Ser
165 170 175

Tyr Leu Val Glu Thr Ser Phe Glu Ser Ile Glu Glu Cys Gly Ser His
180 185 190

Gly Lys Arg Ala Lys Val Asp Val Pro Ile Tyr Gly Arg Tyr Lys Gly
195 200 205

Thr Leu Glu Leu Phe Gln Lys Met Ile Leu Met His Thr Thr His Phe
210 215 220

Ile Ser Ser Val Leu Leu Gly Asp His Ala Asp Arg Val Asp Cys Phe
225 230 235 240

Leu Arg Thr Val Phe Asn Thr Pro Ser Val Ser Asp Ser Val Leu Glu
245 250 255

His Phe Lys Gln Lys Ser Thr Val Phe Leu Val Pro Arg Arg His Gly
260 265 270

Lys Thr Trp Phe Leu Val Pro Leu Ile Ala Leu Val Met Ala Thr Phe
275 280 285

Arg Gly Ile Lys Val Gly Tyr Thr Ala His Ile Arg Lys Ala Thr Glu
290 295 300

Pro Val Phe Glu Gly Ile Lys Ser Arg Leu Glu Gln Trp Phe Gly Ala
305 310 315 320

Asn Tyr Val Asp His Val Lys Gly Glu Ser Ile Thr Phe Ser Phe Thr
325 330 335

Asp Gly Ser Tyr Ser Thr Ala Val Phe Ala Ser Ser His Asn Thr Asn
340 345 350

Gly Ile Arg Gly Gln Asp Phe Asn Leu Leu Phe Val Asp Glu Ala Asn
355 360 365

Phe Ile Arg Pro Asp Ala Val Gln Thr Ile Val Gly Phe Leu Asn Gln
370 375 380

Thr Asn Cys Lys Ile Ile Phe Val Ser Ser Thr Asn Thr Gly Lys Ala
385 390 395 400

Ser Thr Ser Phe Leu Tyr Asn Leu Arg Gly Ser Ser Asp Gln Leu Leu
405 410 415

Asn Val Val Thr Tyr Val Cys Asp Asp His Met Pro Arg Val Leu Ala
420 425 430

His Ser Asp Val Thr Ala Cys Ser Cys Tyr Val Leu Asn Lys Pro Val
435 440 445

Phe Ile Thr Met Asp Gly Ala Met Arg Arg Thr Ala Asp Leu Phe Met

450

455

460

Ala Asp Ser Phe Val Gln Glu Ile Val Gly Gly Arg Lys Gln Asn Ser
 465 470 475 480

Gly Gly Val Gly Phe Asp Arg Pro Leu Phe Thr Lys Thr Ala Arg Glu
 485 490 495

Arg Phe Ile Leu Tyr Arg Pro Ser Thr Val Ala Asn Cys Ala Ile Leu
 500 505 510

Ser Ser Val Leu Tyr Val Tyr Val Asp Pro Ala Phe Thr Ser Asn Thr
 515 520 525

Arg Ala Ser Gly Thr Gly Val Ala Ile Val Gly Arg Tyr Lys Ser Asp
 530 535 540

Trp Ile Ile Phe Gly Leu Glu His Phe Phe Leu Arg Ala Leu Thr Gly
 545 550 555 560

Thr Ser Ser Ser Glu Ile Gly Arg Cys Val Thr Gln Cys Leu Gly His
 565 570 575

Ile Leu Ala Leu His Pro Asn Thr Phe Thr Asn Val His Val Ser Ile
 580 585 590

Glu Gly Asn Ser Ser Gln Asp Ser Ala Val Ala Ile Ser Leu Ala Ile
 595 600 605

Ala Gln Gln Phe Ala Val Leu Glu Lys Gly Asn Val Leu Ser Ser Ala
 610 615 620

Pro Val Leu Leu Phe Tyr His Ser Ile Pro Pro Gly Cys Ser Val Ala
 625 630 635 640

Tyr Pro Phe Phe Leu Leu Gln Lys Gln Lys Thr Pro Ala Val Asp Tyr
 645 650 655

Phe Val Lys Arg Phe Asn Ser Gly Asn Ile Ile Ala Ser Gln Glu Leu
660 665 670

Val Ser Leu Thr Val Lys Leu Gly Val Asp Pro Val Glu Tyr Leu Cys
675 680 685

Lys Gln Leu Asp Asn Leu Thr Glu Val Ile Lys Gly Gly Met Gly Asn
690 695 700

Leu Asp Thr Lys Thr Tyr Thr Gly Lys Gly Thr Thr Gly Thr Met Ser
705 710 715 720

Asp Asp Leu Met Val Ala Leu Ile Met Ser Val Tyr Ile Gly Ser Ser
725 730 735

Cys Ile Pro Asp Ser Val Phe Met Pro Ile Lys
740 745

<210> 82
<211> 1308
<212> DNA
<213> Varicella zoster

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1308)

<400> 82
atg gga act caa aag aag ggg ccg cgt tct gaa aaa gtc tcg ccg tac 48
Met Gly Thr Gln Lys Lys Gly Pro Arg Ser Glu Lys Val Ser Pro Tyr
1 5 10 15

gac acc acg aca ccc gag gtg gaa gcg tta gat cat caa atg gat acg 96
Asp Thr Thr Thr Pro Glu Val Glu Ala Leu Asp His Gln Met Asp Thr
20 25 30

ctt aat tgg cga att tgg ata att cag gtg atg atg ttc act ttg ggt 144
Leu Asn Trp Arg Ile Trp Ile Ile Gln Val Met Met Phe Thr Leu Gly
35 40 45

gcg gta atg ctc ctg gct acg tta att gcc gcc tct tct gaa tat acc 192
Ala Val Met Leu Leu Ala Thr Leu Ile Ala Ala Ser Ser Glu Tyr Thr

50	55	60	
ggg atc cct tgt ttt tat gct gcc gta gtt gat tat gag tta ttt aac Gly Ile Pro Cys Phe Tyr Ala Ala Val Val Asp Tyr Glu Leu Phe Asn 65 70 75 80			240
gcc acc cta gat ggg ggg gta tgg tcc gga aat aga ggt gga tac agc Ala Thr Leu Asp Gly Gly Val Trp Ser Gly Asn Arg Gly Gly Tyr Ser 85 90 95			288
gcc ccg gtt ttg ttt ttg gaa cca cat agc gtt gtg gca ttt act tac Ala Pro Val Leu Phe Leu Glu Pro His Ser Val Val Ala Phe Thr Tyr 100 105 110			336
tac acg gct tta acg gca atg gcc atg gcg gta tat aca ctg atc acg Tyr Thr Ala Leu Thr Ala Met Ala Met Ala Val Tyr Thr Leu Ile Thr 115 120 125			384
gcc gcg att ata cac cga gaa acg aaa aat caa cgt gtc cgg caa agc Ala Ala Ile Ile His Arg Glu Thr Lys Asn Gln Arg Val Arg Gln Ser 130 135 140			432
tcc ggt gtt gca tgg tta gtt gta gat ccc aca aca ctt ttt tgg ggt Ser Gly Val Ala Trp Leu Val Val Asp Pro Thr Thr Leu Phe Trp Gly 145 150 155 160			480
ctt ttg tca ttg tgg tta tta aac gcc gtt gtg tta tta tta gct tac Leu Leu Ser Leu Trp Leu Leu Asn Ala Val Val Leu Leu Leu Ala Tyr 165 170 175			528
aag caa atc ggc gtg gct gct aca tta tat ctt gga cat ttt gcg aca Lys Gln Ile Gly Val Ala Ala Thr Leu Tyr Leu Gly His Phe Ala Thr 180 185 190			576
agt gta ata ttt aca acg tat ttt tgt gga cgc gga aaa ttg gac gaa Ser Val Ile Phe Thr Thr Tyr Phe Cys Gly Arg Gly Lys Leu Asp Glu 195 200 205			624
acg aac ata aaa gcg gtc gca aat tta cga cag cag agc gtc ttt tta Thr Asn Ile Lys Ala Val Ala Asn Leu Arg Gln Gln Ser Val Phe Leu 210 215 220			672
tat cgc ctt gcg ggg cct acg cgc gca gtg ttc gtg aat ttg atg gct Tyr Arg Leu Ala Gly Pro Thr Arg Ala Val Phe Val Asn Leu Met Ala 225 230 235 240			720
gcg ttg atg gcg ata tgt atc cta ttt gta tca tta atg ctg gaa ctt Ala Leu Met Ala Ile Cys Ile Leu Phe Val Ser Leu Met Leu Glu Leu 245 250 255			768

gtg gtg gcg aat cat cta cat acg gga ctg tgg tca tcg gtg tcc gtg Val Val Ala Asn His Leu His Thr Gly Leu Trp Ser Ser Val Ser Val 260 265 270	816
gcc atg tct aca ttt agt aca ttg tca gtt gta tat ctt ata gta tca Ala Met Ser Thr Phe Ser Thr Leu Ser Val Val Tyr Leu Ile Val Ser 275 280 285	864
gaa tta att ttg gcg cat tat ata cac gtg tta ata gga ccg tcc ctg Glu Leu Ile Leu Ala His Tyr Ile His Val Leu Ile Gly Pro Ser Leu 290 295 300	912
gga acg ctc gtg gcc tgt gct acg ttg gga acc gcc gcg cac tcg tat Gly Thr Leu Val Ala Cys Ala Thr Leu Gly Thr Ala Ala His Ser Tyr 305 310 315 320	960
atg gac cga tta tat gac cct ata tcg gtt caa tct cca cgg tta att Met Asp Arg Leu Tyr Asp Pro Ile Ser Val Gln Ser Pro Arg Leu Ile 325 330 335	1008
ccc aca act cgg gga acc ttg gct tgc ctg gcc gtg ttt tcc gtt gtc Pro Thr Thr Arg Gly Thr Leu Ala Cys Leu Ala Val Phe Ser Val Val 340 345 350	1056
atg ttg ctt ctc aga ttg atg cgt gca tat gtg tat cat cga cag aaa Met Leu Leu Leu Arg Leu Met Arg Ala Tyr Val Tyr His Arg Gln Lys 355 360 365	1104
cgc agt cgg ttc tac ggt gcc gta aga aga gta ccc gag cgg gta cgg Arg Ser Arg Phe Tyr Gly Ala Val Arg Arg Val Pro Glu Arg Val Arg 370 375 380	1152
gga tac ata cga aaa gta aaa cct gca cat aga aat tct cgc cgc aca Gly Tyr Ile Arg Lys Val Lys Pro Ala His Arg Asn Ser Arg Arg Thr 385 390 395 400	1200
aat tac cca tca caa ggc tac ggc tac gtc tat gaa aat gac tca aca Asn Tyr Pro Ser Gln Gly Tyr Gly Tyr Val Tyr Glu Asn Asp Ser Thr 405 410 415	1248
tat gaa acg gac cgc gag gat gag ctg tta tac gag cga tca aac agt Tyr Glu Thr Asp Arg Glu Asp Glu Leu Leu Tyr Glu Arg Ser Asn Ser 420 425 430	1296
ggg tgg gag tag Gly Trp Glu 435	1308

<211> 435
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 83

Met Gly Thr Gln Lys Lys Gly Pro Arg Ser Glu Lys Val Ser Pro Tyr
 1 5 10 15

Asp Thr Thr Thr Pro Glu Val Glu Ala Leu Asp His Gln Met Asp Thr
 20 25 30

Leu Asn Trp Arg Ile Trp Ile Ile Gln Val Met Met Phe Thr Leu Gly
 35 40 45

Ala Val Met Leu Leu Ala Thr Leu Ile Ala Ala Ser Ser Glu Tyr Thr
 50 55 60

Gly Ile Pro Cys Phe Tyr Ala Ala Val Val Asp Tyr Glu Leu Phe Asn
 65 70 75 80

Ala Thr Leu Asp Gly Gly Val Trp Ser Gly Asn Arg Gly Gly Tyr Ser
 85 90 95

Ala Pro Val Leu Phe Leu Glu Pro His Ser Val Val Ala Phe Thr Tyr
 100 105 110

Tyr Thr Ala Leu Thr Ala Met Ala Met Ala Val Tyr Thr Leu Ile Thr
 115 120 125

Ala Ala Ile Ile His Arg Glu Thr Lys Asn Gln Arg Val Arg Gln Ser
 130 135 140

Ser Gly Val Ala Trp Leu Val Val Asp Pro Thr Thr Leu Phe Trp Gly
 145 150 155 160

Leu Leu Ser Leu Trp Leu Leu Asn Ala Val Val Leu Leu Leu Ala Tyr
 165 170 175

Lys Gln Ile Gly Val Ala Ala Thr Leu Tyr Leu Gly His Phe Ala Thr
180 185 190

Ser Val Ile Phe Thr Thr Tyr Phe Cys Gly Arg Gly Lys Leu Asp Glu
195 200 205

Thr Asn Ile Lys Ala Val Ala Asn Leu Arg Gln Gln Ser Val Phe Leu
210 215 220

Tyr Arg Leu Ala Gly Pro Thr Arg Ala Val Phe Val Asn Leu Met Ala
225 230 235 240

Ala Leu Met Ala Ile Cys Ile Leu Phe Val Ser Leu Met Leu Glu Leu
245 250 255

Val Val Ala Asn His Leu His Thr Gly Leu Trp Ser Ser Val Ser Val
260 265 270

Ala Met Ser Thr Phe Ser Thr Leu Ser Val Val Tyr Leu Ile Val Ser
275 280 285

Glu Leu Ile Leu Ala His Tyr Ile His Val Leu Ile Gly Pro Ser Leu
290 295 300

Gly Thr Leu Val Ala Cys Ala Thr Leu Gly Thr Ala Ala His Ser Tyr
305 310 315 320

Met Asp Arg Leu Tyr Asp Pro Ile Ser Val Gln Ser Pro Arg Leu Ile
325 330 335

Pro Thr Thr Arg Gly Thr Leu Ala Cys Leu Ala Val Phe Ser Val Val
340 345 350

Met Leu Leu Leu Arg Leu Met Arg Ala Tyr Val Tyr His Arg Gln Lys
355 360 365

Arg Ser Arg Phe Tyr Gly Ala Val Arg Arg Val Pro Glu Arg Val Arg
370 375 380

Gly Tyr Ile Arg Lys Val Lys Pro Ala His Arg Asn Ser Arg Arg Thr
 385 390 395 400

Asn Tyr Pro Ser Gln Gly Tyr Gly Tyr Val Tyr Glu Asn Asp Ser Thr
 405 410 415

Tyr Glu Thr Asp Arg Glu Asp Glu Leu Leu Tyr Glu Arg Ser Asn Ser
 420 425 430

Gly Trp Glu
 435

<210> 84
 <211> 2310
 <212> DNA
 <213> Varicella zoster

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(2310)

<400> 84
 atg gcc gaa ata acg tct ctt ttt aat aac agt tcc ggt agt gaa gaa 48
 Met Ala Glu Ile Thr Ser Leu Phe Asn Asn Ser Ser Gly Ser Glu Glu
 1 5 10 15
 aaa agg ata gca agt tct gtt tct att gac cag ggc ttg aat gga agt 96
 Lys Arg Ile Ala Ser Ser Val Ser Ile Asp Gln Gly Leu Asn Gly Ser
 20 25 30
 aac cca aat gac caa tac aag aac atg ttc gat ata tac tgg aat gag 144
 Asn Pro Asn Asp Gln Tyr Lys Asn Met Phe Asp Ile Tyr Trp Asn Glu
 35 40 45
 tac gcc ccg gat ata ggg ttt tgt aca ttt ccg gag gaa gat ggc tgg 192
 Tyr Ala Pro Asp Ile Gly Phe Cys Thr Phe Pro Glu Glu Asp Gly Trp
 50 55 60
 atg tta ata cac cca acc acg caa agt atg ttg ttt cga aaa atc cta 240
 Met Leu Ile His Pro Thr Thr Gln Ser Met Leu Phe Arg Lys Ile Leu
 65 70 75 80
 gcc ggt gac ttt gga tat acc gat gga caa ggc ata tat agc gct gta 288

Ala Gly Asp Phe Gly Tyr Thr Asp Gly Gln Gly Ile Tyr Ser Ala Val	
85 90 95	
cgg tct acg gaa act gta att cgc caa gtt cag gca acc gtt ttg atg	336
Arg Ser Thr Glu Thr Val Ile Arg Gln Val Gln Ala Thr Val Leu Met	
100 105 110	
aac gcg ttg gat gca act cgg tat gag gac cta gca gca gat tgg gaa	384
Asn Ala Leu Asp Ala Thr Arg Tyr Glu Asp Leu Ala Ala Asp Trp Glu	
115 120 125	
cac cac atc caa caa tgt aac ctg cat gcc ggg gct cta gcg gaa cgt	432
His His Ile Gln Gln Cys Asn Leu His Ala Gly Ala Leu Ala Glu Arg	
130 135 140	
tat ggg cta tgt gga gaa tca gaa gcc gta cgg ctt gca cat cag gtt	480
Tyr Gly Leu Cys Gly Glu Ser Glu Ala Val Arg Leu Ala His Gln Val	
145 150 155 160	
ttt gaa acc tgg cgt caa aca tta cag tca tcg tta ctt gag ttt ctg	528
Phe Glu Thr Trp Arg Gln Thr Leu Gln Ser Ser Leu Leu Glu Phe Leu	
165 170 175	
cgt gga ata acc ggt tgt ctc tat acc agt ggt tta aat gga agg gtc	576
Arg Gly Ile Thr Gly Cys Leu Tyr Thr Ser Gly Leu Asn Gly Arg Val	
180 185 190	
ggt ttt gcc aaa tac gtg gac tgg ata gcc tgt gta ggt att gtg ccc	624
Gly Phe Ala Lys Tyr Val Asp Trp Ile Ala Cys Val Gly Ile Val Pro	
195 200 205	
gtt gta aga aag gta cga tca gaa cag aat gga acc cct gca cca tta	672
Val Val Arg Lys Val Arg Ser Glu Gln Asn Gly Thr Pro Ala Pro Leu	
210 215 220	
aat acg tat atg ggt caa gcg gca gaa ctg tcc cag atg tta aaa gtt	720
Asn Thr Tyr Met Gly Gln Ala Ala Glu Leu Ser Gln Met Leu Lys Val	
225 230 235 240	
gcc gat gca acg ttg gcc aga gga gcg gcg gtt gtc aca agc cta gtt	768
Ala Asp Ala Thr Leu Ala Arg Gly Ala Ala Val Val Thr Ser Leu Val	
245 250 255	
gag tgt atg caa aat gtt gct att atg gat tat gat agg acg cgt ctt	816
Glu Cys Met Gln Asn Val Ala Ile Met Asp Tyr Asp Arg Thr Arg Leu	
260 265 270	
tat tat aat tat aac cga aga tta att atg gca aag gat gat gta acg	864
Tyr Tyr Asn Tyr Asn Arg Arg Leu Ile Met Ala Lys Asp Asp Val Thr	
275 280 285	

ggc atg aag gga gag tgt ttg gtc gtg tgg ccg ccc gtt gta tgt ggg Gly Met Lys Gly Glu Cys Leu Val Val Trp Pro Pro Val Val Cys Gly 290 295 300	912
gag ggt gta gta ttt gac tca ccc tta cag cgg ctt tct ggg gag gtg Glu Gly Val Val Phe Asp Ser Pro Leu Gln Arg Leu Ser Gly Glu Val 305 310 315 320	960
ttg gcc tgt tat gca tta cgt gaa cat gct cgc gtc tgc caa gtt tta Leu Ala Cys Tyr Ala Leu Arg Glu His Ala Arg Val Cys Gln Val Leu 325 330 335	1008
aat aca gcc cct ttg cgc gtg tta ata ggt cgc cgg aat gaa gat gat Asn Thr Ala Pro Leu Arg Val Leu Ile Gly Arg Arg Asn Glu Asp Asp 340 345 350	1056
aga tct cac agc aca cgt gcg gtt gat cgt ata atg ggc gag aac gat Arg Ser His Ser Thr Arg Ala Val Asp Arg Ile Met Gly Glu Asn Asp 355 360 365	1104
aca aca cgg gct gga tcg gcc gcg tct aga ctt gta aag cta ata gtt Thr Thr Arg Ala Gly Ser Ala Ala Ser Arg Leu Val Lys Leu Ile Val 370 375 380	1152
aac tta aaa aac atg aga cat gtt gga gat att acc gaa acc gta cgt Asn Leu Lys Asn Met Arg His Val Gly Asp Ile Thr Glu Thr Val Arg 385 390 395 400	1200
tcc tat cta gaa gaa acg ggc aat cac att ctg gaa gga agt gga tcg Ser Tyr Leu Glu Glu Thr Gly Asn His Ile Leu Glu Gly Ser Gly Ser 405 410 415	1248
gtg gac aca tca caa ccg ggg ttt ggc aag gcc aac caa tcc ttt aac Val Asp Thr Ser Gln Pro Gly Phe Gly Lys Ala Asn Gln Ser Phe Asn 420 425 430	1296
ggg ggg gca atg tcc gga aca aca aac gtt caa agt gcg ttt aaa act Gly Gly Ala Met Ser Gly Thr Thr Asn Val Gln Ser Ala Phe Lys Thr 435 440 445	1344
tcg gtg gtt aac agt atc aac ggc atg ctc gag ggt tat gtg aat aat Ser Val Val Asn Ser Ile Asn Gly Met Leu Glu Gly Tyr Val Asn Asn 450 455 460	1392
tta ttc aaa acc att gag ggt ctc aag gat gtg aac agc gat ctg acc Leu Phe Lys Thr Ile Glu Gly Leu Lys Asp Val Asn Ser Asp Leu Thr 465 470 475 480	1440
gaa agg ctc cag ttc aaa gaa gga gag ctg aaa cgg tta cgg gaa gag	1488

Glu Arg Leu Gln Phe Lys Glu Gly Glu Leu Lys Arg Leu Arg Glu Glu	
485	490
495	
agg gta aaa ata aag cca tct aaa ggg tca cat att aca atg gca gaa	1536
Arg Val Lys Ile Lys Pro Ser Lys Gly Ser His Ile Thr Met Ala Glu	
500	510
505	
gaa aca cgt att gcc gat tta aat cac gag gtt ata gat ctt acc ggc	1584
Glu Thr Arg Ile Ala Asp Leu Asn His Glu Val Ile Asp Leu Thr Gly	
515	520
525	
ata ata ggg gat gat gca tat att gcc aat agt ttt caa tct cgt tat	1632
Ile Ile Gly Asp Asp Ala Tyr Ile Ala Asn Ser Phe Gln Ser Arg Tyr	
530	535
540	
atc ccc cct tat gga gat gat ata aaa cgt ttg tct gag cta tgg aaa	1680
Ile Pro Pro Tyr Gly Asp Asp Ile Lys Arg Leu Ser Glu Leu Trp Lys	
545	550
555	560
cag gaa ctt gtt cgc tgt ttt aag ctt cac cgg gta aac aat aat caa	1728
Gln Glu Leu Val Arg Cys Phe Lys Leu His Arg Val Asn Asn Asn Gln	
565	570
575	
ggc cag gaa att tct gta tca tat tca aat gcg tca atc tca tta cta	1776
Gly Gln Glu Ile Ser Val Ser Tyr Ser Asn Ala Ser Ile Ser Leu Leu	
580	585
590	
gtt gcg ccg tat ttt tca ttc ata tta cgg gcc acc cga tta gga ttc	1824
Val Ala Pro Tyr Phe Ser Phe Ile Leu Arg Ala Thr Arg Leu Gly Phe	
595	600
605	
ttg gta act caa agc gag gta cat agg tca gag gaa gag tta tgc cag	1872
Leu Val Thr Gln Ser Glu Val His Arg Ser Glu Glu Glu Leu Cys Gln	
610	615
620	
gct att ttt aaa aag gcg aga aca gag tcc tat tta tcc caa atc cga	1920
Ala Ile Phe Lys Lys Ala Arg Thr Glu Ser Tyr Leu Ser Gln Ile Arg	
625	630
635	640
ata tta tat gaa atg cag gtt cgc gca gag gta ata aaa cgg ggc cca	1968
Ile Leu Tyr Glu Met Gln Val Arg Ala Glu Val Ile Lys Arg Gly Pro	
645	650
655	
cgg aga aca cca agt cct tcc tgg ggt ttg cct gac cct aca gaa gat	2016
Arg Arg Thr Pro Ser Pro Ser Trp Gly Leu Pro Asp Pro Thr Glu Asp	
660	665
670	
gac gaa aga atc ccg gaa ccc aat aaa ata aat aac caa tac atg cat	2064
Asp Glu Arg Ile Pro Glu Pro Asn Lys Ile Asn Asn Gln Tyr Met His	
675	680
685	

gtt gga tat aaa aac cta tcc cat ttt atg aaa gga cac ccc cct gag 2112
 Val Gly Tyr Lys Asn Leu Ser His Phe Met Lys Gly His Pro Pro Glu
 690 695 700

agg tta cgg gta cac aag gta aat gca gcg gat tcg acc tta ctg gat 2160
 Arg Leu Arg Val His Lys Val Asn Ala Ala Asp Ser Thr Leu Leu Asp
 705 710 715 720

aaa att cga gca aac cgg agg cgc ggg gat ggc cga tgg gat gtc cgg 2208
 Lys Ile Arg Ala Asn Arg Arg Arg Gly Asp Gly Arg Trp Asp Val Arg
 725 730 735

aat aaa tat acc cag cat ttt agg ttg cag cgt aac gat cga caa ctt 2256
 Asn Lys Tyr Thr Gln His Phe Arg Leu Gln Arg Asn Asp Arg Gln Leu
 740 745 750

act aac acg agc cga aga ggg gtt gga tgt gag cga cgt gat cga aga 2304
 Thr Asn Thr Ser Arg Arg Gly Val Gly Cys Glu Arg Arg Asp Arg Arg
 755 760 765

tct tag 2310
 Ser

<210> 85
 <211> 769
 <212> PRT
 <213> Varicella zoster

<400> 85

Met Ala Glu Ile Thr Ser Leu Phe Asn Asn Ser Ser Gly Ser Glu Glu
 1 5 10 15

Lys Arg Ile Ala Ser Ser Val Ser Ile Asp Gln Gly Leu Asn Gly Ser
 20 25 30

Asn Pro Asn Asp Gln Tyr Lys Asn Met Phe Asp Ile Tyr Trp Asn Glu
 35 40 45

Tyr Ala Pro Asp Ile Gly Phe Cys Thr Phe Pro Glu Glu Asp Gly Trp
 50 55 60

Met Leu Ile His Pro Thr Thr Gln Ser Met Leu Phe Arg Lys Ile Leu

65

70

75

80

Ala Gly Asp Phe Gly Tyr Thr Asp Gly Gln Gly Ile Tyr Ser Ala Val
85 90 95

Arg Ser Thr Glu Thr Val Ile Arg Gln Val Gln Ala Thr Val Leu Met
100 105 110

Asn Ala Leu Asp Ala Thr Arg Tyr Glu Asp Leu Ala Ala Asp Trp Glu
115 120 125

His His Ile Gln Gln Cys Asn Leu His Ala Gly Ala Leu Ala Glu Arg
130 135 140

Tyr Gly Leu Cys Gly Glu Ser Glu Ala Val Arg Leu Ala His Gln Val
145 150 155 160

Phe Glu Thr Trp Arg Gln Thr Leu Gln Ser Ser Leu Leu Glu Phe Leu
165 170 175

Arg Gly Ile Thr Gly Cys Leu Tyr Thr Ser Gly Leu Asn Gly Arg Val
180 185 190

Gly Phe Ala Lys Tyr Val Asp Trp Ile Ala Cys Val Gly Ile Val Pro
195 200 205

Val Val Arg Lys Val Arg Ser Glu Gln Asn Gly Thr Pro Ala Pro Leu
210 215 220

Asn Thr Tyr Met Gly Gln Ala Ala Glu Leu Ser Gln Met Leu Lys Val
225 230 235 240

Ala Asp Ala Thr Leu Ala Arg Gly Ala Ala Val Val Thr Ser Leu Val
245 250 255

Glu Cys Met Gln Asn Val Ala Ile Met Asp Tyr Asp Arg Thr Arg Leu
260 265 270

Tyr Tyr Asn Tyr Asn Arg Arg Leu Ile Met Ala Lys Asp Asp Val Thr
275 280 285

Gly Met Lys Gly Glu Cys Leu Val Val Trp Pro Pro Val Val Cys Gly
290 295 300

Glu Gly Val Val Phe Asp Ser Pro Leu Gln Arg Leu Ser Gly Glu Val
305 310 315 320

Leu Ala Cys Tyr Ala Leu Arg Glu His Ala Arg Val Cys Gln Val Leu
325 330 335

Asn Thr Ala Pro Leu Arg Val Leu Ile Gly Arg Arg Asn Glu Asp Asp
340 345 350

Arg Ser His Ser Thr Arg Ala Val Asp Arg Ile Met Gly Glu Asn Asp
355 360 365

Thr Thr Arg Ala Gly Ser Ala Ala Ser Arg Leu Val Lys Leu Ile Val
370 375 380

Asn Leu Lys Asn Met Arg His Val Gly Asp Ile Thr Glu Thr Val Arg
385 390 395 400

Ser Tyr Leu Glu Glu Thr Gly Asn His Ile Leu Glu Gly Ser Gly Ser
405 410 415

Val Asp Thr Ser Gln Pro Gly Phe Gly Lys Ala Asn Gln Ser Phe Asn
420 425 430

Gly Gly Ala Met Ser Gly Thr Thr Asn Val Gln Ser Ala Phe Lys Thr
435 440 445

Ser Val Val Asn Ser Ile Asn Gly Met Leu Glu Gly Tyr Val Asn Asn
450 455 460

Leu Phe Lys Thr Ile Glu Gly Leu Lys Asp Val Asn Ser Asp Leu Thr

465

470

475

480

Glu Arg Leu Gln Phe Lys Glu Gly Glu Leu Lys Arg Leu Arg Glu Glu
485 490 495

Arg Val Lys Ile Lys Pro Ser Lys Gly Ser His Ile Thr Met Ala Glu
500 505 510

Glu Thr Arg Ile Ala Asp Leu Asn His Glu Val Ile Asp Leu Thr Gly
515 520 525

Ile Ile Gly Asp Asp Ala Tyr Ile Ala Asn Ser Phe Gln Ser Arg Tyr
530 535 540

Ile Pro Pro Tyr Gly Asp Asp Ile Lys Arg Leu Ser Glu Leu Trp Lys
545 550 555 560

Gln Glu Leu Val Arg Cys Phe Lys Leu His Arg Val Asn Asn Asn Gln
565 570 575

Gly Gln Glu Ile Ser Val Ser Tyr Ser Asn Ala Ser Ile Ser Leu Leu
580 585 590

Val Ala Pro Tyr Phe Ser Phe Ile Leu Arg Ala Thr Arg Leu Gly Phe
595 600 605

Leu Val Thr Gln Ser Glu Val His Arg Ser Glu Glu Glu Leu Cys Gln
610 615 620

Ala Ile Phe Lys Lys Ala Arg Thr Glu Ser Tyr Leu Ser Gln Ile Arg
625 630 635 640

Ile Leu Tyr Glu Met Gln Val Arg Ala Glu Val Ile Lys Arg Gly Pro
645 650 655

Arg Arg Thr Pro Ser Pro Ser Trp Gly Leu Pro Asp Pro Thr Glu Asp
660 665 670

Asp Glu Arg Ile Pro Glu Pro Asn Lys Ile Asn Asn Gln Tyr Met His
675 680 685

Val Gly Tyr Lys Asn Leu Ser His Phe Met Lys Gly His Pro Pro Glu
690 695 700

Arg Leu Arg Val His Lys Val Asn Ala Ala Asp Ser Thr Leu Leu Asp
705 710 715 720

Lys Ile Arg Ala Asn Arg Arg Arg Gly Asp Gly Arg Trp Asp Val Arg
725 730 735

Asn Lys Tyr Thr Gln His Phe Arg Leu Gln Arg Asn Asp Arg Gln Leu
740 745 750

Thr Asn Thr Ser Arg Arg Gly Val Gly Cys Glu Arg Arg Asp Arg Arg
755 760 765

Ser

<210> 86
<211> 666
<212> DNA
<213> Varicella zoster

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(666)

<400> 86
atg ttt tcg gag ttg cct cct tcc gta ccg acg gca ttg ctt caa tgg 48
Met Phe Ser Glu Leu Pro Pro Ser Val Pro Thr Ala Leu Leu Gln Trp
1 5 10 15

ggt tgg gga ttg cat cgt gga ccg tgt tcg atc cca aat ttt aaa cag 96
Gly Trp Gly Leu His Arg Gly Pro Cys Ser Ile Pro Asn Phe Lys Gln
20 25 30

gta gcc agc caa cac agt gtt cag aac gat ttt aca gaa aat agc gtt 144
Val Ala Ser Gln His Ser Val Gln Asn Asp Phe Thr Glu Asn Ser Val

35	40	45	
gat gca aat gaa aaa ttt ccg att ggg cac gcg ggc tgt att gag aaa			192
Asp Ala Asn Glu Lys Phe Pro Ile Gly His Ala Gly Cys Ile Glu Lys			
50	55	60	
acc aaa gac gac tat gta cca ttt gat acg ttg ttc atg gta tca tct			240
Thr Lys Asp Asp Tyr Val Pro Phe Asp Thr Leu Phe Met Val Ser Ser			
65	70	75	80
att gac gaa ctt ggg cgg aga caa tta acc gac acc atc cgc cgc agc			288
Ile Asp Glu Leu Gly Arg Arg Gln Leu Thr Asp Thr Ile Arg Arg Ser			
85	90	95	
ttg gtt atg aac gcc tgt gaa ata acg gtc gcg tgt acg aaa acc gca			336
Leu Val Met Asn Ala Cys Glu Ile Thr Val Ala Cys Thr Lys Thr Ala			
100	105	110	
gcc ttt tct ggt cga ggc gtg tca cga caa aaa cac gtg acc cta tct			384
Ala Phe Ser Gly Arg Gly Val Ser Arg Gln Lys His Val Thr Leu Ser			
115	120	125	
aaa aat aaa ttc aat cca tcc agt cat aag agc ctg caa atg ttt gtg			432
Lys Asn Lys Phe Asn Pro Ser Ser His Lys Ser Leu Gln Met Phe Val			
130	135	140	
ttg tgt caa aaa acc cat gca ccc cgt gtc aga aac cta ctg tac gag			480
Leu Cys Gln Lys Thr His Ala Pro Arg Val Arg Asn Leu Leu Tyr Glu			
145	150	155	160
agt att cgt gca aga aga cct cgc cga tat tac acc cgc tca acg gac			528
Ser Ile Arg Ala Arg Arg Pro Arg Arg Tyr Tyr Thr Arg Ser Thr Asp			
165	170	175	
gga aaa tcg cgt ccg ttg gta cca gtg ttt gtg tat gag ttt acg gct			576
Gly Lys Ser Arg Pro Leu Val Pro Val Phe Val Tyr Glu Phe Thr Ala			
180	185	190	
tta gat cgt gtc ctt tta cat aag gaa aat act ttg acc gac caa cca			624
Leu Asp Arg Val Leu Leu His Lys Glu Asn Thr Leu Thr Asp Gln Pro			
195	200	205	
att aat act gaa aat agc ggt cat gga cgt acg aga acg taa			666
Ile Asn Thr Glu Asn Ser Gly His Gly Arg Thr Arg Thr			
210	215	220	

<210> 87
 <211> 221
 <212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 87

Met Phe Ser Glu Leu Pro Pro Ser Val Pro Thr Ala Leu Leu Gln Trp
1 5 10 15

Gly Trp Gly Leu His Arg Gly Pro Cys Ser Ile Pro Asn Phe Lys Gln
20 25 30

Val Ala Ser Gln His Ser Val Gln Asn Asp Phe Thr Glu Asn Ser Val
35 40 45

Asp Ala Asn Glu Lys Phe Pro Ile Gly His Ala Gly Cys Ile Glu Lys
50 55 60

Thr Lys Asp Asp Tyr Val Pro Phe Asp Thr Leu Phe Met Val Ser Ser
65 70 75 80

Ile Asp Glu Leu Gly Arg Arg Gln Leu Thr Asp Thr Ile Arg Arg Ser
85 90 95

Leu Val Met Asn Ala Cys Glu Ile Thr Val Ala Cys Thr Lys Thr Ala
100 105 110

Ala Phe Ser Gly Arg Gly Val Ser Arg Gln Lys His Val Thr Leu Ser
115 120 125

Lys Asn Lys Phe Asn Pro Ser Ser His Lys Ser Leu Gln Met Phe Val
130 135 140

Leu Cys Gln Lys Thr His Ala Pro Arg Val Arg Asn Leu Leu Tyr Glu
145 150 155 160

Ser Ile Arg Ala Arg Arg Pro Arg Arg Tyr Tyr Thr Arg Ser Thr Asp
165 170 175

Gly Lys Ser Arg Pro Leu Val Pro Val Phe Val Tyr Glu Phe Thr Ala
180 185 190

Leu Asp Arg Val Leu Leu His Lys Glu Asn Thr Leu Thr Asp Gln Pro
 195 200 205

Ile Asn Thr Glu Asn Ser Gly His Gly Arg Thr Arg Thr
 210 215 220

<210> 88
 <211> 480
 <212> DNA
 <213> Varicella zoster

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(480)

<400> 88
 atg gca tca cat aaa tgg tta ctg cag ata gtt ttt tta aaa act atc 48
 Met Ala Ser His Lys Trp Leu Leu Gln Ile Val Phe Leu Lys Thr Ile
 1 5 10 15

aca atc gcg tat tgt ctt cat ctc caa gac gac act ccg ttg ttt ttt 96
 Thr Ile Ala Tyr Cys Leu His Leu Gln Asp Asp Thr Pro Leu Phe Phe
 20 25 30

gga gcc aaa ccg cta tcg gat gtg agt ttg att ata acg gaa ccg tgc 144
 Gly Ala Lys Pro Leu Ser Asp Val Ser Leu Ile Ile Thr Glu Pro Cys
 35 40 45

gtg tca tcg gta tat gag gcg tgg gac tat gcg gca ccc ccg gta tca 192
 Val Ser Ser Val Tyr Glu Ala Trp Asp Tyr Ala Ala Pro Pro Val Ser
 50 55 60

aac ctc agc gag gcg cta tcg gga atc gtg gtt aag aca aaa tgt cca 240
 Asn Leu Ser Glu Ala Leu Ser Gly Ile Val Val Lys Thr Lys Cys Pro
 65 70 75 80

gta ccg gaa gtt ata ctt tgg ttt aaa gac aaa caa atg gcg tac tgg 288
 Val Pro Glu Val Ile Leu Trp Phe Lys Asp Lys Gln Met Ala Tyr Trp
 85 90 95

aca aat cca tac gtc acc tta aag ggg ctg gca caa tct gtt ggt gaa 336
 Thr Asn Pro Tyr Val Thr Leu Lys Gly Leu Ala Gln Ser Val Gly Glu
 100 105 110

gaa cat aaa agc ggg gac ata cgc gat gct ttg ttg gat gcc ctt tcc 384

Glu His Lys Ser Gly Asp Ile Arg Asp Ala Leu Leu Asp Ala Leu Ser
115 120 125

ggt gta tgg gta gac tct act cca tct tcc aca aat atc ccg gaa aat 432
Gly Val Trp Val Asp Ser Thr Pro Ser Ser Thr Asn Ile Pro Glu Asn
130 135 140

gga tgt gtc tgg gga gcc gac cgt ttg ttc caa cgc gta tgc caa tga 480
Gly Cys Val Trp Gly Ala Asp Arg Leu Phe Gln Arg Val Cys Gln
145 150 155

<210> 89
<211> 159
<212> PRT
<213> Varicella zoster

<400> 89

Met Ala Ser His Lys Trp Leu Leu Gln Ile Val Phe Leu Lys Thr Ile
1 5 10 15

Thr Ile Ala Tyr Cys Leu His Leu Gln Asp Asp Thr Pro Leu Phe Phe
20 25 30

Gly Ala Lys Pro Leu Ser Asp Val Ser Leu Ile Ile Thr Glu Pro Cys
35 40 45

Val Ser Ser Val Tyr Glu Ala Trp Asp Tyr Ala Ala Pro Pro Val Ser
50 55 60

Asn Leu Ser Glu Ala Leu Ser Gly Ile Val Val Lys Thr Lys Cys Pro
65 70 75 80

Val Pro Glu Val Ile Leu Trp Phe Lys Asp Lys Gln Met Ala Tyr Trp
85 90 95

Thr Asn Pro Tyr Val Thr Leu Lys Gly Leu Ala Gln Ser Val Gly Glu
100 105 110

Glu His Lys Ser Gly Asp Ile Arg Asp Ala Leu Leu Asp Ala Leu Ser
115 120 125

Gly Val Trp Val Asp Ser Thr Pro Ser Ser Thr Asn Ile Pro Glu Asn
 130 135 140

Gly Cys Val Trp Gly Ala Asp Arg Leu Phe Gln Arg Val Cys Gln
 145 150 155

<210> 90
 <211> 909
 <212> DNA
 <213> Varicella zoster

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(909)

<400> 90
 atg gct tct gta gca ggt aac gct agt aat atc tca cca cag ccc ccg 48
 Met Ala Ser Val Ala Gly Asn Ala Ser Asn Ile Ser Pro Gln Pro Pro
 1 5 10 15

tcg ggc gtt cca acc gga ggg gaa ttt gta ctg ata cct acc gcg tat 96
 Ser Gly Val Pro Thr Gly Gly Glu Phe Val Leu Ile Pro Thr Ala Tyr
 20 25 30

tat tca cag ctg tta acc ggg cag act aaa aat ccg cag gta tca att 144
 Tyr Ser Gln Leu Leu Thr Gly Gln Thr Lys Asn Pro Gln Val Ser Ile
 35 40 45

gga gct cca aat aac gga cag tat atc gtc ggg cca tat gga tct cca 192
 Gly Ala Pro Asn Asn Gly Gln Tyr Ile Val Gly Pro Tyr Gly Ser Pro
 50 55 60

cac ccg cct gcc ttc cca cct aat aca ggg ggt tat ggt tgc cct ccg 240
 His Pro Pro Ala Phe Pro Pro Asn Thr Gly Gly Tyr Gly Cys Pro Pro
 65 70 75 80

gga cac ttc ggg gga ccg tac ggg ttt ccg gga tat cca cca ccc aat 288
 Gly His Phe Gly Gly Pro Tyr Gly Phe Pro Gly Tyr Pro Pro Pro Asn
 85 90 95

cgt ttg gaa atg caa atg tcc gca ttt atg aac gca ttg gcc gcc gaa 336
 Arg Leu Glu Met Gln Met Ser Ala Phe Met Asn Ala Leu Ala Ala Glu
 100 105 110

cgg ggt att gac ttg cag acc ccg tgt gta aat ttt cca gac aaa acc 384
 Arg Gly Ile Asp Leu Gln Thr Pro Cys Val Asn Phe Pro Asp Lys Thr

115	120	125	
gat gtc cgt cgt cca gga aaa cgg gat ttc aag agc atg gat caa agg			432
Asp Val Arg Arg Pro Gly Lys Arg Asp Phe Lys Ser Met Asp Gln Arg			
130	135	140	
gaa ttg gat tct ttt tat agt ggg gag tct caa atg gac gga gag ttt			480
Glu Leu Asp Ser Phe Tyr Ser Gly Glu Ser Gln Met Asp Gly Glu Phe			
145	150	155	160
ccc tca aat ata tat ttt ccc ggt gaa cca acg tat ata acg cat cgg			528
Pro Ser Asn Ile Tyr Phe Pro Gly Glu Pro Thr Tyr Ile Thr His Arg			
165	170	175	
aga cgt cga gtt tct cca tca tat tgg cag agg aga cac aga gtt tct			576
Arg Arg Arg Val Ser Pro Ser Tyr Trp Gln Arg Arg His Arg Val Ser			
180	185	190	
aat ggt cag cac gaa gag ctt gct ggg gtt gtg gca aaa ctg caa cag			624
Asn Gly Gln His Glu Glu Leu Ala Gly Val Val Ala Lys Leu Gln Gln			
195	200	205	
gag gtt aca gag cta aaa tca caa aat ggg aca caa atg cct ttg tcg			672
Glu Val Thr Glu Leu Lys Ser Gln Asn Gly Thr Gln Met Pro Leu Ser			
210	215	220	
cac cat aca aat ata cca gag ggg aca cgg gat cct cga ata tcg att			720
His His Thr Asn Ile Pro Glu Gly Thr Arg Asp Pro Arg Ile Ser Ile			
225	230	235	240
tta tta aaa cag ctt caa agc gtt tcg ggt cta tgc tca tcc caa aat			768
Leu Leu Lys Gln Leu Gln Ser Val Ser Gly Leu Cys Ser Ser Gln Asn			
245	250	255	
aca aca agc acc cca cat aca gat aca gtt gga caa gat gta aat gca			816
Thr Thr Ser Thr Pro His Thr Asp Thr Val Gly Gln Asp Val Asn Ala			
260	265	270	
gtg gag gcg agt tcc aag gcc cct tta ata cag ggg tcc acg gca gac			864
Val Glu Ala Ser Ser Lys Ala Pro Leu Ile Gln Gly Ser Thr Ala Asp			
275	280	285	
gac gcc gat atg ttt gca aat cag atg atg gtg ggg cgg tgt taa			909
Asp Ala Asp Met Phe Ala Asn Gln Met Met Val Gly Arg Cys			
290	295	300	

<210> 91
 <211> 302
 <212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 91

Met Ala Ser Val Ala Gly Asn Ala Ser Asn Ile Ser Pro Gln Pro Pro
1 5 10 15

Ser Gly Val Pro Thr Gly Gly Glu Phe Val Leu Ile Pro Thr Ala Tyr
20 25 30

Tyr Ser Gln Leu Leu Thr Gly Gln Thr Lys Asn Pro Gln Val Ser Ile
35 40 45

Gly Ala Pro Asn Asn Gly Gln Tyr Ile Val Gly Pro Tyr Gly Ser Pro
50 55 60

His Pro Pro Ala Phe Pro Pro Asn Thr Gly Gly Tyr Gly Cys Pro Pro
65 70 75 80

Gly His Phe Gly Gly Pro Tyr Gly Phe Pro Gly Tyr Pro Pro Pro Asn
85 90 95

Arg Leu Glu Met Gln Met Ser Ala Phe Met Asn Ala Leu Ala Ala Glu
100 105 110

Arg Gly Ile Asp Leu Gln Thr Pro Cys Val Asn Phe Pro Asp Lys Thr
115 120 125

Asp Val Arg Arg Pro Gly Lys Arg Asp Phe Lys Ser Met Asp Gln Arg
130 135 140

Glu Leu Asp Ser Phe Tyr Ser Gly Glu Ser Gln Met Asp Gly Glu Phe
145 150 155 160

Pro Ser Asn Ile Tyr Phe Pro Gly Glu Pro Thr Tyr Ile Thr His Arg
165 170 175

Arg Arg Arg Val Ser Pro Ser Tyr Trp Gln Arg Arg His Arg Val Ser
180 185 190

Asn Gly Gln His Glu Glu Leu Ala Gly Val Val Ala Lys Leu Gln Gln
 195 200 205

Glu Val Thr Glu Leu Lys Ser Gln Asn Gly Thr Gln Met Pro Leu Ser
 210 215 220

His His Thr Asn Ile Pro Glu Gly Thr Arg Asp Pro Arg Ile Ser Ile
 225 230 235 240

Leu Leu Lys Gln Leu Gln Ser Val Ser Gly Leu Cys Ser Ser Gln Asn
 245 250 255

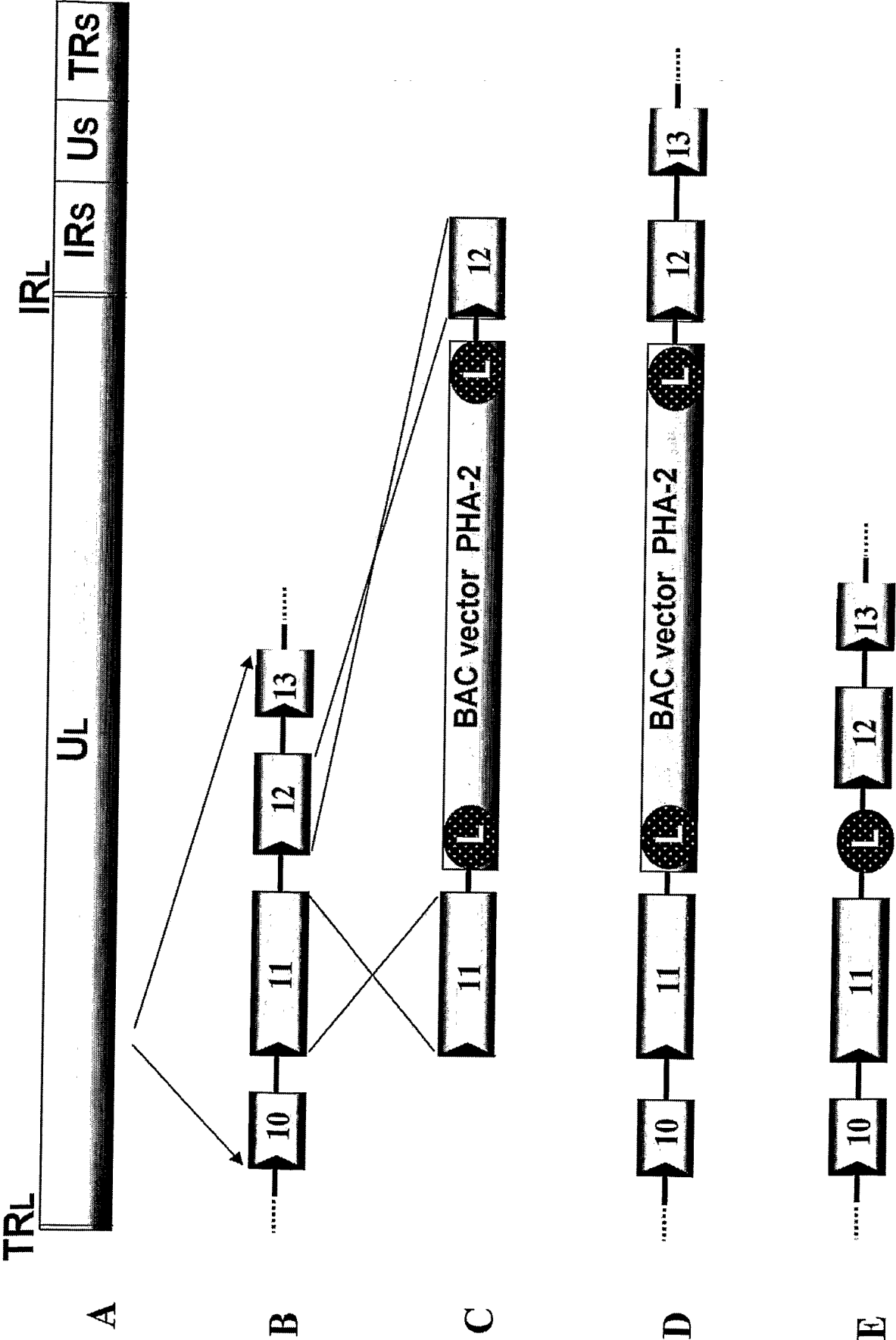
Thr Thr Ser Thr Pro His Thr Asp Thr Val Gly Gln Asp Val Asn Ala
 260 265 270

Val Glu Ala Ser Ser Lys Ala Pro Leu Ile Gln Gly Ser Thr Ala Asp
 275 280 285

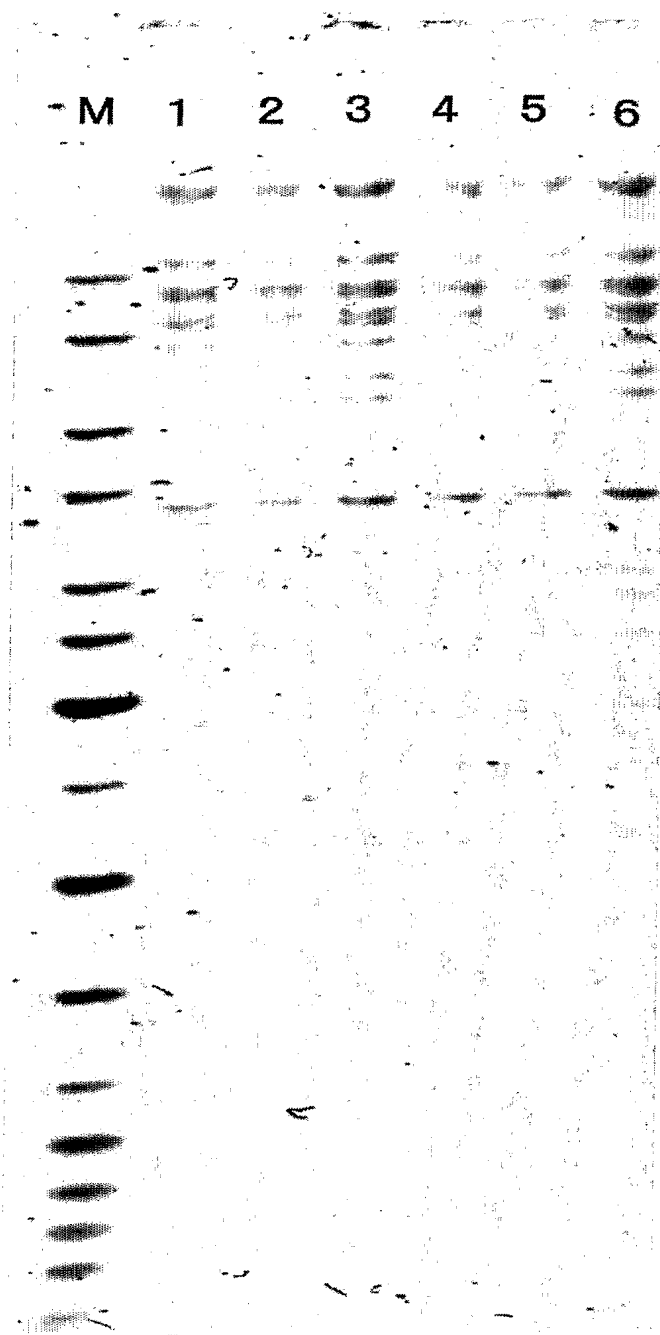
Asp Ala Asp Met Phe Ala Asn Gln Met Met Val Gly Arg Cys
 290 295 300

【書類名】 図面

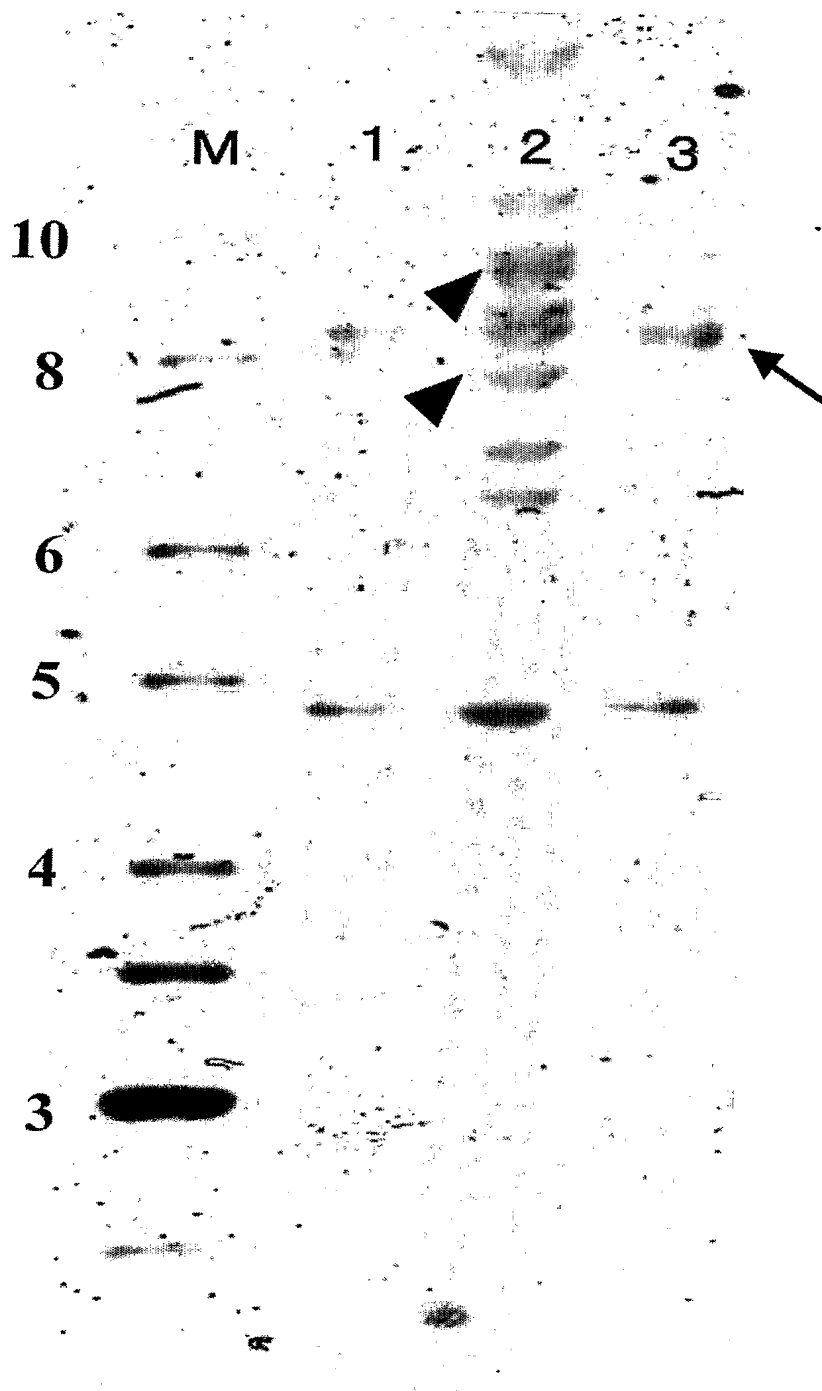
【図 1】



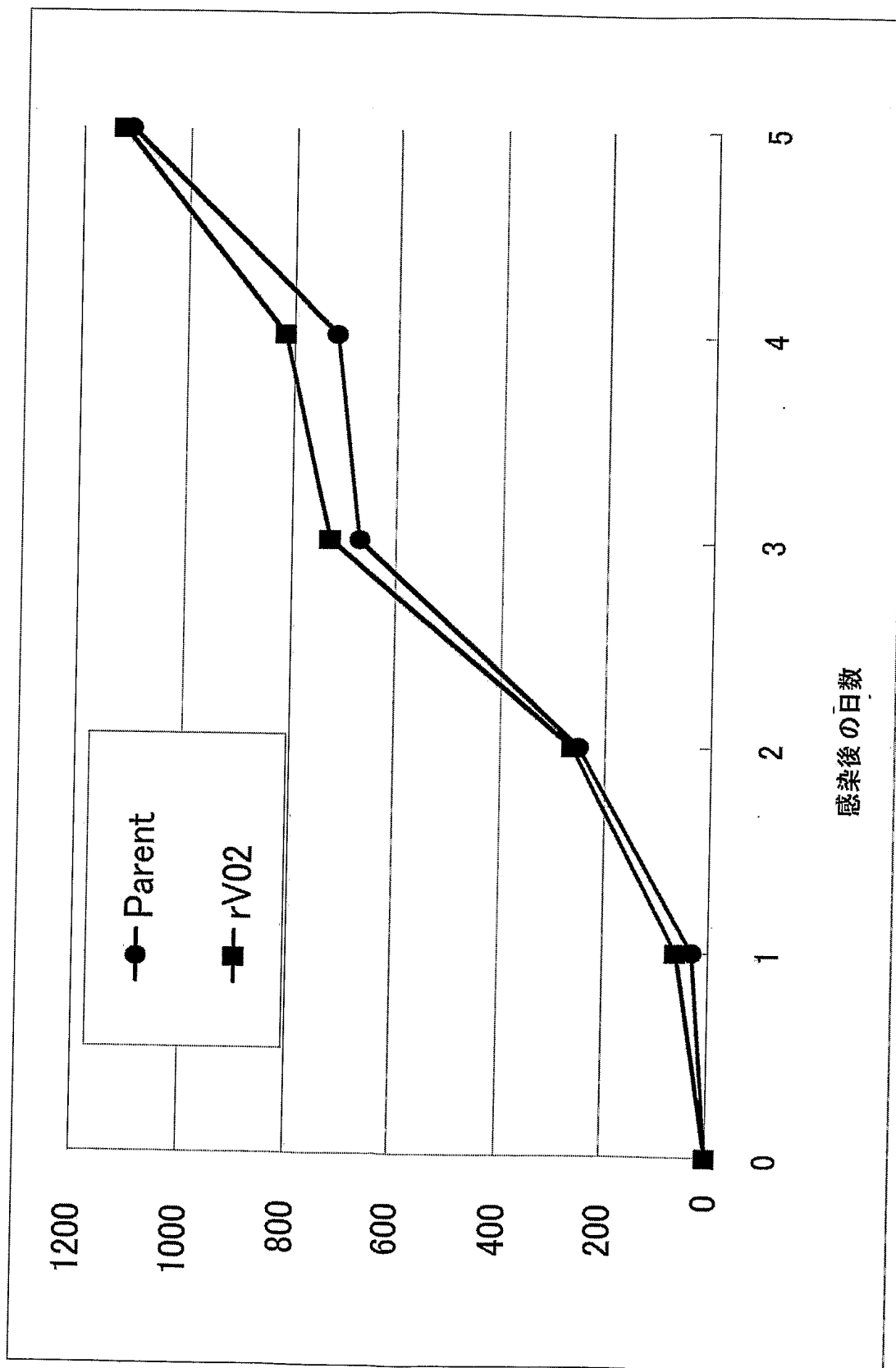
【図 2】



【図 3】



【図 4】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 組換え水痘带状疱疹ウイルス、およびその製造方法、ならびに組換え水痘带状疱疹ウイルスを含む薬学的組成物を提供すること、さらに、水痘带状疱疹ウイルスゲノム遺伝子とBACベクター配列とを含むベクター、およびそのようなベクターを含む細胞、ならびに水痘带状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得るフラグメント、およびBACベクター配列を含む核酸カセットを提供することが課題である。

【解決手段】 BACベクター配列を用いる組換え水痘带状疱疹ウイルス製造方法を開発することによって上記課題を解決した。

【選択図】 なし

特願 2 0 0 4 - 0 6 3 2 7 7

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号

[0 0 0 1 7 3 6 9 2]

1. 変更年月日

1 9 9 0 年 8 月 1 3 日

[変更理由]

新規登録

住 所

大阪府吹田市山田丘 3 番 1 号 大阪大学内

氏 名

財団法人阪大微生物病研究会